

EP04/10697



PCT/EP2004/010697

63.12.2004

REC'D 14 DEC 2004

WIPO

PCT

Prioritätsbescheinigung über die Einreichung einer Patentanmeldung

Aktenzeichen:

103 44 799.7

Anmeldetag:

26. September 2003

Anmelder/Inhaber:

Ganymed Pharmaceuticals AG, 55116 Mainz/DE

Bezeichnung:

Identifizierung von Oberflächen-assoziierten Antigenen für die Tumordiagnose und -therapie

IPC:

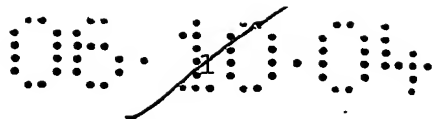
A 61 K, C 07 K, C 12 Q

Die angehefteten Stücke sind eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlagen dieser Patentanmeldung.

München, den 26. November 2004
Deutsches Patent- und Markenamt
Der Präsident
Im Auftrag

PRIORITY DOCUMENT
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH
RULE 17.1(a) OR (b)

Hoß



Identifizierung von Oberflächen-assozierten Antigenen für die Tumordiagnose und -therapie

- Trotz interdisziplinärer Ansätze und Ausreizung klassischer Therapiemodalitäten gehören
- 5 Krebserkrankungen weiterhin zu den führenden Todesursachen. Neuere therapeutische Konzepte zielen darauf ab, das patienteneigene Immunsystem durch Einsatz von rekombinanten Tumorstoffen und anderen spezifischen Maßnahmen wie Antikörpertherapie in das therapeutische Gesamtkonzept mit einzubeziehen. Voraussetzung für den Erfolg einer solchen Strategie ist die Erkennung von Tumor-spezifischen oder Tumor-assozierten
- 10 Antigenen bzw. Epitopen durch das Immunsystem des Patienten, dessen Effektorfunktionen interventionell verstärkt werden sollen. Tumorzellen unterscheiden sich biologisch wesentlich von ihren nichtmalignen Ursprungszellen. Diese Differenzen sind durch während der Tumorentwicklung erworbene genetische Veränderungen bedingt und führen u.a. auch zur der Bildung qualitativ oder quantitativ veränderter molekularer Strukturen in den Krebszellen.
- 15 Werden solche Tumor-assozierten Strukturen vom spezifischen Immunsystem des tumortragenden Wirtes erkannt, spricht man von Tumor-assozierten Antigenen.

- An der spezifischen Erkennung von Tumor-assozierten Antigenen sind zelluläre und humorale Mechanismen beteiligt, die zwei miteinander funktionell vernetzte Einheiten
- 20 darstellen: $CD4^+$ und $CD8^+$ T-Lymphozyten erkennen prozessierte Antigene, die auf den Molekülen der MHC- (Major Histocompatibility complex = Histokompatibilitäts-Antigene) Klassen II bzw. I präsentiert werden, während B-Lymphozyten zirkulierende Antikörpermoleküle produzieren, die direkt an unprozessierte Antigene binden.

- 25 Die potentielle klinisch-therapeutische Bedeutung von Tumor-assozierten Antigenen ergibt sich aus der Tatsache, dass die Erkennung von Antigenen auf neoplastischen Zellen durch das Immunsystem zur Initiierung von cytotoxischen Effektormechanismen führt und bei Vorhandensein von T-Helferzellen die Elimination der Krebszellen bewirken kann (Pardoll, *Nat. Med.* 4:525-31, 1998). Entsprechend ist es eine zentrale Zielsetzung der
- 30 Tumorimmunologie, diese Strukturen molekular zu definieren. Die molekulare Natur dieser Antigene blieb lange enigmatisch. Erst als entsprechende Klonierungstechniken entwickelt wurden, gelang es, durch Analyse der Zielstrukturen von cytotoxischen T-Lymphozyten (CTL) (van der Bruggen et al., *Science* 254:1643-7, 1991) bzw. mit zirkulierenden Autoantikörpern (Sahin et al., *Curr. Opin. Immunol.* 9:709-16, 1997) als Sonden cDNA-

Expressionbanken von Tumoren systematisch auf Tumor-assoziierte Antigene zu screenen. Hierzu wurden cDNA-Expressionsbanken aus frischem Tumorgewebe hergestellt und in geeigneten Systemen als Proteine rekombinant exprimiert. Aus Patienten isolierte Immuneffektoren, nämlich CTL-Klone mit Tumor-spezifischem Lysemuster, oder
5 zirkulierende Autoantikörper wurden genutzt, um die respektiven Antigene zu klonieren.

Durch diese Ansätze sind in den letzten Jahren eine Vielzahl von Antigenen in verschiedenen Neoplasien definiert worden. Von großem Interesse ist dabei die Klasse der Cancer/Testis-Antigene (CTA). CTA und sie kodierende Gene (Cancer/Testis-Gene oder CTG) sind durch
10 ihr charakteristisches Expressionsmuster definiert (Tureci et al, *Mol. Med. Today* 3:342-9, 1997). Sie finden sich nicht in Normalgeweben bis auf Testis bzw. Keimzellen, werden jedoch in einer Reihe von humanen Malignomen exprimiert und zwar nicht tumortypspezifisch, sondern mit unterschiedlicher Häufigkeit in Tumorentitäten ganz unterschiedlicher Herkunft (Chen & Old, *Cancer J. Sci. Am.* 5:16-7, 1999). Auch
15 Serumreaktivitäten gegen CTA finden sich nicht in gesunden Kontrollen, sondern lediglich in Tumorpatienten. Insbesondere aufgrund ihrer Gewebeverteilung ist diese Antigenklasse von besonderem Wert für immuntherapeutische Vorhaben und wird in derzeit laufenden klinischen Patientenstudien getestet (Marchand et al., *Int. J. Cancer* 80:219-30, 1999; Knuth et al., *Cancer Chemother. Pharmacol.* 46: S46-51, 2000).

20

Allerdings nutzen die oben dargestellten klassischen Verfahren zur Antigenidentifizierung Immuneffektoren (zirkulierende Autoantikörper oder CTL-Klone) aus Patienten mit in der Regel bereits fortgeschrittenem Krebs als Sonden. Aus einer Reihe von Daten geht hervor, dass Tumore z.B. zur Tolerisierung und Anergisierung von T-Zellen führen können und
25 gerade im Verlauf der Erkrankung diejenigen Spezifitäten aus dem Immuneffektorenrepertoire verloren gehen, die eine effektive Immunerkennung bewirken könnten. Aus laufenden Patientenstudien hat sich noch kein gesicherter Beweis für eine tatsächliche Wirkung der bisher entdeckten und genutzten Tumor-assoziierten Antigene ergeben. Entsprechend kann nicht ausgeschlossen werden, dass spontane Immunantworten
30 evozierende Proteine die falschen Zielstrukturen sind.

Es war die Aufgabe der vorliegenden Erfindung Zielstrukturen für eine Diagnose und Therapie von Krebserkrankungen bereitzustellen.

Diese Aufgabe wird erfindungsgemäß durch den Gegenstand der Patentansprüche gelöst.

Erfindungsgemäß wurde eine Strategie für eine Identifizierung und Bereitstellung Tumor-assoziert exprimierter Antigene und der dafür kodierenden Nukleinsäuren verfolgt. Diese Strategie beruht auf der Auswertung humaner Protein- und Nukleinsäuredatenbanken im Hinblick auf potenzielle, auf der Zelloberfläche zugängliche, krebsspezifische Antigene. Die Definition der dafür notwendigen Filterkriterien zusammen mit einer Hochdurchsatz-Methodik zur Analyse möglichst aller Proteine bilden den zentralen Bestandteil der Erfindung. Durch Datamining wird zunächst eine möglichst komplette Liste aller bekannter Gene aufgestellt, die dem Grundprinzip Gen zu mRNA zu Protein folgend auf das Vorhandensein einer oder mehrerer Transmembrandomänen hin untersucht werden. Hieran schließen sich eine Homologiesuche, eine Einteilung der Treffer in gewebsspezifische Gruppen (u.a. Tumorgewebe) und eine Überprüfung der realen Existenz der mRNA an. Schließlich werden die so identifizierten Proteine z.B. durch Expressionsanalysen und proteinchemische Verfahren auf ihre aberrante Aktivierung in Tumoren evaluiert.

Datamining ist ein bekanntes Verfahren zur Identifizierung von Tumor-assozierten Genen. Bei den herkömmlichen Strategien werden allerdings in der Regel Transkriptome von Normalgewebesbanken elektronisch von Tumorgewebsbanken subtrahiert unter der Annahme, dass die verbleibenden Gene Tumor-spezifisch sind (Schmitt et al., *Nucleic Acids Res.* 27:4251-60, 1999; Vasmatazis et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 95:300-4, 1998; Scheurle et al., *Cancer Res.* 60:4037-43, 2000).

Das erfindungsgemäße Konzept beruht jedoch darauf, Datamining zur elektronischen Extraktion aller Gene, die für auf der Zelloberfläche zugängliche, krebsspezifische Antigene kodieren, zu nutzen und diese sodann auf ektope Expression in Tumoren zu evaluieren.

Somit betrifft die Erfindung in einem Aspekt eine Strategie zur Identifizierung von differentiell in Tumoren exprimierten Genen. Diese kombiniert Datamining von öffentlichen Sequenzbanken ("*in silico*") mit darauffolgenden evaluierenden labor-experimentellen ("*wet bench*") Untersuchungen.

Eine kombinierte Strategie basierend auf unterschiedlichen bioinformatischen Skripten ermöglichte erfindungsgemäß die Identifizierung von Genen, die für auf der Zelloberfläche

zugängliche, krebsspezifische Antigene kodieren. Die Identifizierung und Bereitstellung dieser Tumor-assoziierten Gene und der dadurch kodierten Genprodukte erfolgte erfindungsgemäß unabhängig von einer immunogenen Wirkung.

- 5 Die erfindungsgemäß identifizierten Tumor-assoziierten Antigene weisen eine Aminosäuresequenz auf, die von einer Nukleinsäure kodiert wird, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus (a) einer Nukleinsäure, die eine Nukleinsäuresequenz umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine ungeradzahlige Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon, (b) einer
- 10 Nukleinsäure, die unter stringenten Bedingungen mit der Nukleinsäure unter (a) hybridisiert, (c) einer Nukleinsäure, die in Bezug auf die Nukleinsäure unter (a) oder (b) degeneriert ist, und (d) einer Nukleinsäure, die zu der Nukleinsäure unter (a), (b) oder (c) komplementär ist.
- In einer bevorzugten Ausführungsform weist ein erfindungsgemäß identifiziertes Tumor-assoziiertes Antigen eine Aminosäuresequenz auf, die von einer Nukleinsäure kodiert wird,
- 15 die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine ungeradzahlige Sequenznummer aufweisen. In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform umfasst ein erfindungsgemäß identifiziertes Tumor-assoziiertes Antigen eine Aminosäuresequenz, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine geradzahlige Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder
- 20 Derivat davon.

- Die vorliegende Erfindung betrifft allgemein die Verwendung von erfindungsgemäß identifizierten Tumor-assoziierten Antigenen oder von Teilen davon, von dafür kodierenden
- Nukleinsäuren oder von Nukleinsäuren, die gegen die kodierenden Nukleinsäuren gerichtet
- 25 sind, oder von Antikörpern, die gegen die erfindungsgemäß identifizierten Tumor-assoziierten Antigene oder Teile davon gerichtet sind, für die Therapie und Diagnose. Diese Nutzung kann einzelne, aber auch Kombinationen von mehreren dieser Antigene, funktionalen Fragmente, Nukleinsäuren, Antikörper etc. betreffen, in einer Ausführungsform auch in Kombination mit anderen Tumor-assoziierten Genen und Antigenen für eine Diagnose, Therapie und
- 30 Verlaufskontrolle.

Die Eigenschaft der erfindungsgemäß identifizierten Tumor-assoziierten Antigene, dass sie auf oder an der Zelloberfläche lokalisiert sind, qualifiziert sie als geeignete Ziele oder Mittel für die Therapie und Diagnose. Besonders geeignet hierfür ist ein Teil der erfindungsgemäß

identifizierten Tumor-assoziierten Antigene, der dem nicht-Transmembrananteil, insbesondere dem extrazellulären Anteil der Antigene entspricht oder davon umfasst wird. Somit ist erfindungsgemäß ein Teil der erfindungsgemäß identifizierten Tumor-assoziierten Antigene, der dem nicht-Transmembrananteil der Antigene entspricht oder davon umfasst ist, oder ein entsprechender Teil der für die erfindungsgemäß identifizierten Antigene kodierenden Nukleinsäuren für eine Therapie oder Diagnose bevorzugt. Ähnlich ist die Verwendung von Antikörpern bevorzugt, die gegen einen Teil der erfindungsgemäß identifizierten Tumor-assoziierten Antigene gerichtet sind, der dem nicht-Transmembrananteil der Antigene entspricht oder davon umfasst ist.

10

Bevorzugte Erkrankungen für eine Therapie und/oder Diagnose sind solche, bei denen eine selektive Expression oder abnormale Expression von einem oder mehreren der erfindungsgemäß identifizierten Tumor-assoziierten Antigenen vorliegt.

15 Die Erfindung betrifft auch Nukleinsäuren und Genprodukte, die tumorzellassoziiert exprimiert werden und die durch verändertes Spleißen (Spleißvarianten) bekannter Gene bzw. durch veränderte Translation unter Nutzung alternativer offener Leserahmen entstehen. Diese Nukleinsäuren umfassen die ungeradzahlgigen Sequenzen gemäß (SEQ ID NO:1-305) des Sequenzprotokolls. Ferner umfassen die Genprodukte alle geradzahlgigen Sequenzen gemäß (SEQ ID NO:2-306) des Sequenzprotokolls. Die erfindungsgemäßen Spleißvarianten sind erfindungsgemäß als Targets für die Diagnostik und Therapie von Tumorerkrankungen verwendbar.

25 Für die Entstehung von Spleißvarianten können verschiedenste Mechanismen ursächlich sein, beispielsweise

- die Nutzung variabler Transkriptionsinitiationsstellen
- die Nutzung zusätzlicher Exons
- vollständiges oder unvollständiges Ausspleißen von einzelnen oder mehreren Exons,
- über Mutation veränderte Spleißregulatorsequenzen (Deletion bzw. Schaffung neuer Donor/Acceptorsequenzen),
- die unvollständige Elimination von Intronsequenzen.

30

Das veränderte Spleißen eines Gens führt zu einer veränderten Transkriptsequenz (Spleißvariante). Wird eine Spleißvariante im Bereich ihrer veränderten Sequenz translatiert,

resultiert ein verändertes Protein, welches sich von dem ursprünglichen in Struktur und Funktion deutlich unterscheiden kann. Bei tumorassoziierten Spleißvarianten können tumorassoziierte Transkripte und tumorassoziierte Proteine/Antigene entstehen. Diese können als molekulare Marker sowohl zum Nachweis von Tumorzellen als auch zum therapeutischen

5 Targeting von Tumoren genutzt werden. Die Detektion von Tumorzellen z.B. im Blut, Serum, Knochenmark, Sputum, Bronchial-Lavage, Körpersekreten und Gewebsbiopsien kann erfindungsgemäß z.B. nach Extraktion von Nukleinsäuren durch PCR-Amplifikation mit Spleißvarianten-spezifischen Oligonukleotiden erfolgen.

10 Zum Nachweis eignen sich erfindungsgemäß alle Sequenz-abhängigen Detektionssysteme. Neben der PCR sind diese z.B. Genchip-/Microarraysysteme, Northern-Blot, RNase protection assays (RDA) und andere. Allen Detektionssystemen ist gemeinsam, dass die Detektion auf einer spezifischen Hybridisierung mit mindestens einer Spleißvarianten-spezifischen Nukleinsäuresequenz basiert. Die Detektion von Tumorzellen kann jedoch auch

15 erfindungsgemäß durch Antikörper erfolgen, die ein durch die Spleißvariante kodiertes spezifisches Epitop erkennen. Für die Herstellung der Antikörper können Peptide zur Immunisierung verwendet werden, die für diese Spleißvariante spezifisch sind. Für die Immunisierung eignen sich besonders die Aminosäuren, die deutliche Epitopunterschiede zu der/den Variante(n) des Genprodukts aufweisen, welche bevorzugt in gesunden Zellen

20 gebildet wird/werden. Der Nachweis der Tumorzellen mit Antikörper kann dabei an einer vom Patienten isolierten Probe oder als Imaging mit intravenös applizierten Antikörpern erfolgen.

Neben der diagnostischen Nutzbarkeit stellen Spleißvarianten, die neue oder veränderte

25 Epitope aufweisen, attraktive Targets für die Immuntherapie dar. Die erfindungsgemäßen Epitope können zum Targeting von therapeutisch wirksamen monoklonalen Antikörpern oder T-Lymphozyten genutzt werden. Bei der passiven Immuntherapie werden hierbei Antikörper oder T-Lymphozyten adoptiv transferiert, die Spleißvarianten-spezifische Epitope erkennen. Die Generierung von Antikörpern kann wie bei anderen Antigenen auch unter Nutzung von

30 Standardtechnologien (Immunisierung von Tieren, Panningstrategien zur Isolation von rekombinanten Antikörpern) unter Nutzung von Polypeptiden, die diese Epitope beinhalten, erfolgen. Alternativ können zur Immunisierung Nukleinsäuren genutzt werden, die für Oligo- oder Polypeptide kodieren, die diese Epitope beinhalten. Verschiedene Techniken zur in vitro oder in vivo Generierung von epitopspezifischen T-Lymphozyten sind bekannt und

ausführlich beschrieben z.B. (Kessler JH, et al. 2001, Sahin et al., 1997) und basieren ebenfalls auf der Nutzung von Oligo- oder Polypeptide, die die Spleißvarianten-spezifischen Epitope beinhalten, oder Nukleinsäuren, die für diese kodieren. Oligo- oder Polypeptide, die die Spleißvarianten-spezifischen Epitope beinhalten, oder Nukleinsäuren, die für diese Polypeptide kodieren, sind auch für die Nutzung als pharmazeutisch wirksame Substanzen bei der aktiven Immuntherapie (Vakzinierung, Vakzintherapie) verwendbar.

In einem Aspekt betrifft die Erfindung eine pharmazeutische Zusammensetzung, umfassend ein Mittel, das das erfindungsgemäß identifizierte Tumor-assoziierte Antigen erkennt und vorzugsweise selektiv für Zellen ist, die eine Expression oder abnormale Expression eines erfindungsgemäß identifizierten Tumor-assoziierten Antigens aufweisen. Das Mittel kann in bestimmten Ausführungsformen die Induktion des Zelltods, die Reduktion des Zellwachstums, die Schädigung der Zellmembran oder die Sekretion von Zytokinen bewirken und weist vorzugsweise eine tumorhemmende Aktivität auf. In einer Ausführungsform ist das Mittel eine Antisense-Nukleinsäure, die selektiv mit der Nukleinsäure hybridisiert, die für das Tumor-assoziierte Antigen kodiert. In einer weiteren Ausführungsform ist das Mittel ein Antikörper, der selektiv an das Tumor-assoziierte Antigen bindet, insbesondere ein komplementaktivierter Antikörper, der selektiv an das Tumor-assoziierte Antigen bindet. In einer weiteren Ausführungsform umfasst das Mittel mehrere Mittel, die jeweils selektiv verschiedene Tumor-assoziierte Antigene erkennen, wobei mindestens eines der Tumor-assoziierten Antigene ein erfindungsgemäß identifiziertes Tumor-assoziiertes Antigen ist. Die Erkennung muss nicht direkt mit einer Hemmung von Aktivität oder Expression des Antigens einhergehen. In diesem Aspekt der Erfindung dient das selektiv auf Tumoren beschränkte Antigen vorzugsweise als Markierung zur Rekrutierung von Effektormechanismen an diesen spezifischen Ort. In einer bevorzugten Ausführungsform ist das Mittel ein cytotoxischer T-Lymphozyt, der das Antigen auf einem HLA-Molekül erkennt und die derartig markierte Zelle lysiert. In einer weiteren Ausführungsform ist das Mittel ein Antikörper, der selektiv an das Tumor-assoziierte Antigen bindet und somit natürliche oder artifizielle Effektormechanismen zu dieser Zelle rekrutiert. In einer weiteren Ausführungsform ist das Mittel ein Helfer-T-Lymphozyt, der Effektorfunktionen von anderen Zellen, die spezifisch dieses Antigen erkennen, stärkt.

In einem Aspekt betrifft die Erfindung eine pharmazeutische Zusammensetzung, umfassend ein Mittel, das die Expression oder Aktivität eines erfindungsgemäß identifizierten Tumor-

assozierten Antigens hemmt. In einer bevorzugten Ausführungsform ist das Mittel eine Antisense-Nukleinsäure, die selektiv mit der Nukleinsäure hybridisiert, die für das Tumor-assozierte Antigen kodiert. In einer weiteren Ausführungsform ist das Mittel ein Antikörper, der selektiv an das Tumor-assozierte Antigen bindet. In einer weiteren Ausführungsform umfasst das Mittel mehrere Mittel, die jeweils selektiv die Expression oder Aktivität verschiedener Tumor-assoziierter Antigene hemmen, wobei mindestens eines der Tumor-assozierten Antigene ein erfindungsgemäß identifiziertes Tumor-assoziertes Antigen ist.

Die Aktivität eines erfindungsgemäß identifizierten Tumor-assozierten Antigens kann eine jegliche Aktivität eines Proteins oder Peptids sein. Somit können die erfindungsgemäßen Therapie- und Diagnosverfahren auch auf Hemmung oder Reduktion dieser Aktivität oder auf ein Testen dieser Aktivität abzielen.

Des weiteren betrifft die Erfindung eine pharmazeutische Zusammensetzung, die ein Mittel umfasst, das bei einer Verabreichung selektiv die Menge an Komplexen zwischen einem HLA-Molekül und einem Peptidepitop aus dem erfindungsgemäß identifizierten Tumor-assozierten Antigen erhöht. Das Mittel umfasst in einer Ausführungsform einen oder mehrere Bestandteile, die aus der Gruppe ausgewählt sind bestehend aus (i) dem Tumor-assozierten Antigen oder einem Teil davon, (ii) einer Nukleinsäure, die für das Tumor-assozierte Antigen oder einen Teil davon kodiert, (iii) einer Wirtszelle, die das Tumor-assozierte Antigen oder einen Teil davon exprimiert, und (iv) isolierten Komplexen zwischen Peptidepitopen aus dem Tumor-assozierten Antigen und einem MHC-Molekül. In einer Ausführungsform umfasst das Mittel mehrere Mittel, die jeweils selektiv die Menge an Komplexen zwischen MHC-Molekülen und Peptidepitopen verschiedener Tumor-assoziierter Antigene erhöhen, wobei mindestens eines der Tumor-assozierten Antigene ein erfindungsgemäß identifiziertes Tumor-assoziertes Antigen ist.

Des weiteren betrifft die Erfindung eine pharmazeutische Zusammensetzung, die einen oder mehrere Bestandteile umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt sind bestehend aus (i) einem erfindungsgemäß identifizierten Tumor-assozierten Antigen oder einem Teil davon, (ii) einer Nukleinsäure, die für ein erfindungsgemäß identifiziertes Tumor-assoziertes Antigen oder einen Teil davon kodiert, (iii) einem Antikörper, der an ein erfindungsgemäß identifiziertes Tumor-assoziertes Antigen oder einen Teil davon bindet, (iv) einer Antisense-Nukleinsäure, die spezifisch mit einer Nukleinsäure, die für ein erfindungsgemäß identifiziertes Tumor-

assoziiertes Antigen kodiert, hybridisiert, (v) einer Wirtszelle, die ein erfindungsgemäß identifiziertes Tumor-assoziiertes Antigen oder einen Teil davon exprimiert, und (vi) isolierten Komplexen zwischen einem erfindungsgemäß identifizierten Tumor-assoziierten Antigen oder einem Teil davon und einem HLA-Molekül.

5

Eine Nukleinsäure, die für ein erfindungsgemäß identifiziertes Tumor-assoziiertes Antigen oder einen Teil davon kodiert, kann in der pharmazeutische Zusammensetzung in einem Expressionsvektor vorliegen und funktionell mit einem Promotor verbunden sein.

- 10 Eine in einer erfindungsgemäßen pharmazeutischen Zusammensetzung enthaltene Wirtszelle kann das Tumor-assoziierte Antigen oder den Teil davon sekretieren, auf der Oberfläche exprimieren oder kann zusätzlich ein HLA-Molekül exprimieren, das an das Tumor-assoziierte Antigen oder den Teil davon bindet. In einer Ausführungsform exprimiert die Wirtszelle das HLA-Molekül endogen. In einer weiteren Ausführungsform exprimiert die
- 15 Wirtszelle das HLA-Molekül und/oder das Tumor-assoziierte Antigen oder den Teil davon rekombinant. Vorzugsweise ist die Wirtszelle nicht-proliferativ. In einer bevorzugten Ausführungsform ist die Wirtszelle eine Antigen-präsentierende Zelle, insbesondere eine dendritische Zelle, ein Monozyt oder ein Makrophage.

- 20 Ein in einer erfindungsgemäßen pharmazeutischen Zusammensetzung enthaltener Antikörper kann ein monoklonaler Antikörper sein. In weiteren Ausführungsformen ist der Antikörper ein chimärer oder humanisierter Antikörper, ein Fragment eines natürlichen Antikörpers oder ein synthetischer Antikörper, die durch kombinatorische Techniken hergestellt werden können. Der Antikörper kann mit einem therapeutisch oder diagnostisch nützlichen Mittel
- 25 gekoppelt sein.

- Eine in einer erfindungsgemäßen pharmazeutischen Zusammensetzung enthaltene Antisense-Nukleinsäure kann eine Sequenz von 6-50, insbesondere 10-30, 15-30 oder 20-30 zusammenhängenden Nukleotiden aus der Nukleinsäure, die für das erfindungsgemäß
- 30 identifizierte Tumor-assoziierte Antigen kodiert, umfassen.

In weiteren Ausführungsformen bindet ein durch eine erfindungsgemäße pharmazeutische Zusammensetzung entweder direkt oder durch die Expression einer Nukleinsäure bereitgestelltes Tumor-assoziiertes Antigen oder ein Teil davon an MHC-Moleküle auf der

Oberfläche von Zellen, wobei die Bindung vorzugsweise eine cytolytische Reaktion hervorruft und/oder eine Zytokinausschüttung induziert.

Eine erfindungsgemäße pharmazeutische Zusammensetzung kann einen pharmazeutisch
 5 verträglichen Träger und/oder ein Adjuvans umfassen. Das Adjuvans kann aus Saponin, GM-CSF, CpG-Oligonukleotiden, RNA, einem Zytokin oder einem Chemokin ausgewählt sein. Eine erfindungsgemäße pharmazeutische Zusammensetzung wird vorzugsweise zur Behandlung einer Erkrankung eingesetzt, die sich durch die selektive Expression oder abnormale Expression eines Tumor-assoziierten Antigens auszeichnet. In einer bevorzugten
 10 Ausführungsform ist die Erkrankung Krebs.

Des weiteren betrifft die Erfindung Verfahren zur Behandlung oder Diagnose einer Erkrankung, die sich durch die Expression oder abnormale Expression eines oder mehrerer Tumor-assoziierten Antigene auszeichnet. In einer Ausführungsform umfasst die Behandlung
 15 die Verabreichung einer erfindungsgemäßen pharmazeutischen Zusammensetzung.

In einem Aspekt betrifft die Erfindung ein Verfahren zur Diagnose einer Erkrankung, die sich durch die Expression oder abnormale Expression eines erfindungsgemäß identifizierten Tumor-assoziierten Antigens auszeichnet. Das Verfahren umfasst den Nachweis (i) einer
 20 Nukleinsäure, die für das Tumor-assoziierte Antigen kodiert, oder eines Teils davon und/oder (ii) den Nachweis des Tumor-assoziierten Antigens oder eines Teils davon, und/oder (iii) den Nachweis eines Antikörpers gegen das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon und/oder (iv) den Nachweis von cytotoxischen oder Helfer-T-Lymphozyten, die für das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon spezifisch sind in einer aus einem Patienten
 25 isolierten biologischen Probe. In bestimmten Ausführungsformen umfasst der Nachweis (i) die Kontaktierung der biologischen Probe mit einem Mittel, das spezifisch an die Nukleinsäure, die für das Tumor-assoziierte Antigen kodiert, oder den Teil davon, an das Tumor-assoziierte Antigen oder den Teil davon, an den Antikörper oder an cytotoxische oder Helfer-T-Lymphozyten, die für das Tumor-assoziierte Antigen oder Teile davon spezifisch
 30 sind, bindet und (ii) den Nachweis der Komplexbildung zwischen dem Mittel und der Nukleinsäure oder dem Teil davon, dem Tumor-assoziierten Antigen oder dem Teil davon, dem Antikörper oder den cytotoxischen oder Helfer-T-Lymphozyten. In einer Ausführungsform zeichnet sich die Erkrankung durch die Expression oder abnormale Expression mehrerer verschiedener Tumor-assoziierten Antigene aus und der Nachweis

umfasst einen Nachweis mehrerer Nukleinsäuren, die für die mehreren verschiedenen Tumor-assozierten Antigene kodieren, oder von Teilen davon, den Nachweis der mehreren verschiedenen Tumor-assozierten Antigene oder von Teilen davon, den Nachweis mehrerer Antikörper, die an die mehreren verschiedenen Tumor-assozierten Antigene oder an Teile davon binden, oder den Nachweis mehrerer cytotoxischer oder Helfer-T-Lymphozyten, die für die mehreren verschiedenen Tumor-assozierten Antigene spezifisch sind. In einer weiteren Ausführungsform wird die isolierte biologische Probe aus dem Patienten mit einer vergleichbaren normalen biologischen Probe verglichen.

Die erfindungsgemäßen Diagnoseverfahren können auch eine Nutzung der erfindungsgemäß identifizierten Tumor-assozierten Antigene als prognostische Marker betreffen, um eine Metastatisierung z.B. durch Testen des Migrationsverhalten von Zellen und daher einen verschlechterten Krankheitsverlauf zu prädictieren, wodurch unter anderem die Planung einer aggressiveren Therapie ermöglicht wird.

In einem weiteren Aspekt betrifft die Erfindung ein Verfahren zur Bestimmung der Regression, des Verlaufs oder des Ausbruchs einer Erkrankung, die sich durch die Expression oder abnormale Expression eines erfindungsgemäß identifizierten Tumor-assozierten Antigens auszeichnet, umfassend die Überwachung einer Probe aus einem Patienten, der die Erkrankung aufweist oder in Verdacht steht, an der Erkrankung zu erkranken in Bezug auf einen oder mehrere Parameter, die aus der Gruppe ausgewählt sind bestehend aus (i) der Menge der Nukleinsäure, die für das Tumor-assozierte Antigen kodiert, oder eines Teil davon, (ii) der Menge des Tumor-assozierten Antigens oder eines Teils davon, (iii) der Menge an Antikörpern, die an das Tumor-assozierte Antigen oder einen Teil davon binden, und (iv) der Menge an cytolytischen T-Zellen oder Helfer-T-Zellen, die für einen Komplex zwischen dem Tumor-assozierten Antigen oder einem Teil davon und einem MHC-Molekül spezifisch sind. Vorzugsweise umfasst das Verfahren die Bestimmung des oder der Parameter zu einem ersten Zeitpunkt in einer ersten Probe und zu einem zweiten Zeitpunkt in einer weiteren Probe, wobei durch einen Vergleich der beiden Proben der Verlauf der Erkrankung ermittelt wird. In bestimmten Ausführungsformen zeichnet sich die Erkrankung durch die Expression oder abnormale Expression mehrerer verschiedener Tumor-assoziierter Antigene aus und die Überwachung umfasst eine Überwachung (i) der Menge mehrerer Nukleinsäuren, die für die mehreren verschiedenen Tumor-assozierten Antigene kodieren, oder von Teilen davon und/oder (ii) der Menge der mehreren verschiedenen Tumor-assozierten Antigene oder

5 von Teilen davon und/oder (iii) der Menge mehrerer Antikörper, die an die mehreren verschiedenen Tumor-assoziierten Antigene oder an Teile davon binden, und/oder (iv) der Menge mehrerer cytolytischer T-Zellen oder Helfer-T-Zellen, die für Komplexe zwischen den mehreren verschiedenen Tumor-assoziierten Antigenen oder von Teilen davon und MHC-Molekülen spezifisch sind.

10 Ein Nachweis einer Nukleinsäure oder eines Teils davon oder eine Überwachung der Menge einer Nukleinsäure oder eines Teils davon kann erfindungsgemäß mit einer Polynukleotid-Sonde erfolgen, die spezifisch mit der Nukleinsäure oder dem Teil davon hybridisiert, oder kann durch selektive Amplifikation der Nukleinsäure oder des Teils davon erfolgen. In einer Ausführungsform umfasst die Polynukleotid-Sonde eine Sequenz von 6-50, insbesondere 10-30, 15-30 oder 20-30 zusammenhängenden Nukleotiden aus der Nukleinsäure.

15 Ein Nachweis eines Tumor-assoziierten Antigens oder eines Teils davon oder eine Überwachung der Menge eines Tumor-assoziierten Antigens oder eines Teils davon kann erfindungsgemäß mit einem Antikörper erfolgen, der spezifisch an das Tumor-assoziierte Antigen oder den Teil davon bindet.

20 In bestimmten Ausführungsformen liegt das nachzuweisende Tumor-assoziierte Antigen oder der Teil davon in einem Komplex mit einem MHC-Molekül, insbesondere einem HLA-Molekül vor.

25 Ein Nachweis eines Antikörpers oder die Überwachung der Menge an Antikörpern kann erfindungsgemäß mit einem Protein oder Peptid erfolgen, das spezifisch an den Antikörper bindet.

30 Ein Nachweis von cytolytischen T-Zellen oder Helfer-T-Zellen oder die Überwachung der Menge an cytolytischen T-Zellen oder Helfer-T-Zellen, die für Komplexe zwischen einem Antigen oder einem Teil davon und MHC-Molekülen spezifisch sind, kann erfindungsgemäß mit einer Zelle erfolgen, die den Komplex zwischen dem Antigen oder dem Teil davon und einem MHC-Molekül präsentiert.

Die für einen Nachweis oder für eine Überwachung verwendete Polynukleotid-Sonde, der Antikörper, das Protein oder Peptid oder die Zelle sind vorzugsweise nachweisbar markiert.

In bestimmten Ausführungsformen ist der nachweisbare Marker ein radioaktiver Marker oder ein Enzymmarker. Der Nachweis von T-Lymphozyten kann zusätzlich durch Nachweis ihrer Proliferation, ihrer Zytokinproduktion, sowie ihrer cytotoxischen Aktivität erfolgen, die durch die spezifische Stimulation mit dem Komplex aus MHC und Tumor-assoziiertem Antigen oder Teilen davon ausgelöst wird. Der Nachweis von T-Lymphozyten kann ferner durch ein rekombinantes MHC-Molekül oder auch einen Komplex aus mehreren MHC-Molekülen, die mit dem jeweiligen immunogenen Fragment aus einem oder mehreren der Tumor-assoziierten Antigene beladen sind, und durch Kontaktierung des spezifischen T-Zell-Rezeptors erfolgen, der spezifische T-Lymphozyten identifizieren kann.

10

In einem weiteren Aspekt betrifft die Erfindung ein Verfahren zur Behandlung, Diagnose oder Überwachung einer Erkrankung, die sich durch die Expression oder abnormale Expression eines erfindungsgemäß identifizierten Tumor-assoziierten Antigens auszeichnet, umfassend die Verabreichung eines Antikörpers, der an das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon bindet und mit einem therapeutischen oder diagnostischen Mittel gekoppelt ist. Der Antikörper kann ein monoklonaler Antikörper sein. In weiteren Ausführungsformen ist der Antikörper ein chimärer oder humanisierter Antikörper oder ein Fragment eines natürlichen Antikörpers.

15

20

Die Erfindung betrifft auch ein Verfahren zur Behandlung eines Patienten mit einer Erkrankung, die sich durch die Expression oder abnormale Expression eines erfindungsgemäß identifizierten Tumor-assoziierten Antigens auszeichnet, umfassend (i) die Entfernung einer Probe mit immunreaktiven Zellen aus dem Patienten, (ii) die Kontaktierung der Probe mit einer Wirtszelle, die das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon exprimiert, unter Bedingungen, die eine Produktion cytolytischer T-Zellen gegen das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon begünstigen, und (iii) das Einbringen der cytolytischen T-Zellen in den Patienten in einer Menge, die geeignet ist, Zellen zu lysieren, die das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon exprimieren. Die Erfindung betrifft ebenfalls die Klonierung des T-Zell-Rezeptors von cytolytischen T-Zellen gegen das Tumor-assoziierte Antigen. Dieser kann in andere T-Zellen transferiert werden, die damit die erwünschte Spezifität erhalten und wie unter (iii) in den Patienten eingebracht werden können.

25

30

In einer Ausführungsform exprimiert die Wirtszelle ein HLA-Molekül endogen. In einer weiteren Ausführungsform exprimiert die Wirtszelle ein HLA-Molekül und/oder das Tumor-

assoziierte Antigen oder den Teil davon rekombinant. Vorzugsweise ist die Wirtszelle nicht-proliferativ. In einer bevorzugten Ausführungsform ist die Wirtszelle eine Antigen-präsentierende Zelle, insbesondere eine dendritische Zelle, ein Monozyt oder ein Makrophage.

5

In einem weiteren Aspekt betrifft die Erfindung ein Verfahren zur Behandlung eines Patienten mit einer Erkrankung, die sich durch die Expression oder abnormale Expression eines Tumor-assoziierten Antigens auszeichnet, umfassend (i) die Identifizierung einer für ein erfindungsgemäß identifiziertes Tumor-assoziiertes Antigen kodierenden Nukleinsäure, die von Zellen exprimiert wird, die mit der Erkrankung assoziiert sind, (ii) die Transfektion einer Wirtszelle mit der Nukleinsäure oder einem Teil davon, (iii) die Kultivierung der transfizierten Wirtszelle für eine Expression der Nukleinsäure (dies ist bei Erreichen einer hohen Transfektionsrate nicht obligat) und (iv) das Einbringen der Wirtszellen oder eines Extrakts davon in den Patienten in einer Menge, die geeignet ist, die Immunreaktion gegen die Zellen des Patienten, die mit der Erkrankung assoziiert sind, zu erhöhen. Das Verfahren kann ferner die Identifizierung eines MHC-Moleküls, das das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon präsentiert, umfassen, wobei die Wirtszelle das identifizierte MHC-Molekül exprimiert und das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon präsentiert. Die Immunreaktion kann eine B-Zellen-Reaktion oder eine T-Zellen-Reaktion umfassen. Des weiteren kann eine T-Zellen-Reaktion die Produktion von cytolytischen T-Zellen und/oder Helfer-T-Zellen umfassen, die spezifisch für die Wirtszellen sind, die das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon präsentieren oder spezifisch für Zellen des Patienten sind, die das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon exprimieren.

25 Die Erfindung betrifft auch ein Verfahren zur Behandlung einer Erkrankung, die sich durch die Expression oder abnormale Expression eines erfindungsgemäß identifizierten Tumor-assoziierten Antigens auszeichnet, umfassend (i) die Identifikation von Zellen aus dem Patienten, die abnormale Mengen des Tumor-assoziierten Antigens exprimieren, (ii) die Isolierung einer Probe der Zellen, (iii) die Kultivierung der Zellen und (iv) das Einbringen der Zellen in den Patienten in einer Menge, die geeignet ist, eine Immunreaktion gegen die Zellen auszulösen.

Vorzugsweise sind die erfindungsgemäß verwendeten Wirtszellen nicht-proliferativ oder werden nicht-proliferativ gemacht. Eine Erkrankung, die sich durch die Expression oder

abnormale Expression eines Tumor-assoziierten Antigens auszeichnet, ist insbesondere Krebs.

5 Des weiteren betrifft die vorliegende Erfindung eine Nukleinsäure, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus (a) einer Nukleinsäure, die eine Nukleinsäuresequenz umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine ungeradzahlige Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon, (b) einer Nukleinsäure, die unter stringenten Bedingungen mit der Nukleinsäure unter (a) hybridisiert, (c) einer Nukleinsäure, die in Bezug auf die Nukleinsäure unter (a) oder (b) degeneriert ist, 10 und (d) einer Nukleinsäure, die zu der Nukleinsäure unter (a), (b) oder (c) komplementär ist. Des weiteren betrifft die Erfindung eine Nukleinsäure, die für ein Protein oder Polypeptid kodiert, das eine Aminosäuresequenz umfasst, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine geradzahlige Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon.

15

In einem weiteren Aspekt betrifft die Erfindung Promotorsequenzen von erfindungsgemäßen Nukleinsäuren. Diese können funktionell mit einem anderen Gen vorzugsweise in einem Expressionsvektor verbunden werden, und somit die selektive Expression dieses Gens in entsprechenden Zellen gewährleisten.

20

In einem weiteren Aspekt betrifft die Erfindung ein rekombinantes Nukleinsäuremolekül, insbesondere DNA- oder RNA-Molekül, das eine erfindungsgemäße Nukleinsäure umfasst.

25

Die Erfindung betrifft auch Wirtszellen, die eine erfindungsgemäße Nukleinsäure oder ein rekombinantes Nukleinsäuremolekül, das eine erfindungsgemäße Nukleinsäure umfasst, enthalten.

30

Die Wirtszelle kann ferner eine Nukleinsäure umfassen, die für ein HLA-Molekül kodiert. In einer Ausführungsform exprimiert die Wirtszelle das HLA-Molekül endogen. In einer weiteren Ausführungsform exprimiert die Wirtszelle das HLA-Molekül und/oder die erfindungsgemäße Nukleinsäure oder einen Teil davon rekombinant. Vorzugsweise ist die Wirtszelle nicht-proliferativ. In einer bevorzugten Ausführungsform ist die Wirtszelle eine Antigen-präsentierende Zelle, insbesondere eine dendritische Zelle, ein Monozyt oder ein Makrophage.

In einer weiteren Ausführungsform betrifft die Erfindung Oligonukleotide, die mit einer erfindungsgemäß identifizierten Nukleinsäure hybridisieren und als genetische Sonden oder als "Antisense"-Moleküle verwendet werden können. Nukleinsäuremoleküle in der Form von
5 Oligonukleotid-Primern oder kompetenten Proben, die mit einer erfindungsgemäß identifizierten Nukleinsäure oder Teilen davon hybridisieren, können zum Auffinden von Nukleinsäuren verwendet werden, die zu der erfindungsgemäß identifizierten Nukleinsäure homolog sind. PCR-Amplifikation, Southern- und Northern-Hybridisierung können zum Auffinden homologer Nukleinsäuren eingesetzt werden. Die Hybridisierung kann unter
10 niedrig-, besser unter mittel- und am besten unter hoch-stringenten Bedingungen erfolgen. Der Begriff „stringente Bedingungen“ betrifft erfindungsgemäß Bedingungen, die eine spezifische Hybridisierung zwischen Polynukleotiden erlauben.

In einem weiteren Aspekt betrifft die Erfindung ein Protein oder Polypeptid, das von einer
15 Nukleinsäure kodiert wird, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus (a) einer Nukleinsäure, die eine Nukleinsäuresequenz umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine ungeradzahlige Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon, (b) einer Nukleinsäure, die unter stringenten Bedingungen mit der Nukleinsäure unter (a) hybridisiert, (c) einer
20 Nukleinsäure, die in Bezug auf die Nukleinsäure unter (a) oder (b) degeneriert ist, und (d) einer Nukleinsäure, die zu der Nukleinsäure unter (a), (b) oder (c) komplementär ist. In einer bevorzugten Ausführungsform betrifft die Erfindung ein Protein oder Polypeptid, das eine Aminosäuresequenz umfasst, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine geradzahlige Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder
25 Derivat davon.

In einem weiteren Aspekt betrifft die Erfindung ein immunogenes Fragment eines erfindungsgemäß identifizierten Tumor-assoziierten Antigens. Das Fragment bindet vorzugsweise an einen menschlichen HLA-Rezeptor oder menschlichen Antikörper.
30 Vorzugsweise umfasst ein erfindungsgemäßes Fragment eine Sequenz von mindestens 6, insbesondere mindestens 8, mindestens 10, mindestens 12, mindestens 15, mindestens 20, mindestens 30 oder mindestens 50 Aminosäuren.

In einem weiteren Aspekt betrifft die Erfindung ein Mittel, das an ein erfindungsgemäß identifiziertes Tumor-assoziiertes Antigen oder an einen Teil davon bindet. In einer bevorzugten Ausführungsform ist das Mittel ein Antikörper. In weiteren Ausführungsformen ist der Antikörper ein chimärer, ein humanisierter oder mit kombinatorischen Techniken
5 hergestellte Antikörper oder ein Fragment eines Antikörpers. Des weiteren betrifft die Erfindung einen Antikörper, der selektiv an einen Komplex aus (i) einem erfindungsgemäß identifizierten Tumor-assoziierten Antigen oder einem Teil davon und (ii) einem MHC-Molekül bindet, an das das erfindungsgemäß identifizierte Tumor-assoziierte Antigen oder der Teil davon bindet, wobei der Antikörper nicht alleine an (i) oder (ii) bindet. Ein
10 erfindungsgemäßer Antikörper kann ein monoklonaler Antikörper sein. In weiteren Ausführungsformen ist der Antikörper ein chimärer oder humanisierter Antikörper oder ein Fragment eines natürlichen Antikörpers.

Des weiteren betrifft die Erfindung ein Konjugat zwischen einem erfindungsgemäßen Mittel,
15 das an ein erfindungsgemäß identifiziertes Tumor-assoziiertes Antigen oder an einen Teil davon bindet, oder einem erfindungsgemäßen Antikörper und einem therapeutischen oder diagnostischen Mittel. In einer Ausführungsform ist das therapeutische oder diagnostische Mittel ein Toxin.

20 In einem weiteren Aspekt betrifft die Erfindung einen Kit zum Nachweis der Expression oder abnormalen Expression eines erfindungsgemäß identifizierten Tumor-assoziierten Antigens, umfassend Mittel zum Nachweis (i) der Nukleinsäure, die für das Tumor-assoziierte Antigen kodiert, oder eines Teils davon, (ii) des Tumor-assoziierten Antigens oder eines Teils davon,
25 (iii) von Antikörpern, die an das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon binden, und/oder (iv) von T-Zellen, die für einen Komplex zwischen dem Tumor-assoziierten Antigen oder einem Teil davon und einem MHC-Molekül spezifisch sind. In einer Ausführungsform sind die Mittel zum Nachweis der Nukleinsäure oder des Teils davon Nukleinsäuremoleküle für die selektive Amplifikation der Nukleinsäure, die insbesondere eine Sequenz von 6-50, insbesondere 10-30, 15-30 oder 20-30 zusammenhängenden Nukleotiden aus der
30 Nukleinsäure umfassen.

Detaillierte Beschreibung der Erfindung

Erfindungsgemäß werden Gene beschrieben, die in Tumorzellen selektiv exprimiert oder aberrant exprimiert werden und Tumor-assoziierte Antigene darstellen.

5

Erfindungsgemäß sind diese Gene oder ihre Derivate bevorzugte Zielstrukturen für therapeutische Ansätze. Konzeptionell können die therapeutischen Ansätze auf eine Hemmung der Aktivität des selektiv exprimierten Tumor-assoziierten Genproduktes zielen. Dies ist dann sinnvoll, wenn die aberrante respektive selektive Expression funktionell von tumorpathogenetischer Bedeutung ist und ihre Unterbindung mit einer selektiven Schädigung der entsprechenden Zellen einhergeht. Andere therapeutische Konzepte betrachten Tumor-assoziierte Antigene als Markierungen, die Effektormechanismen mit zellschädigendem Potential selektiv zu Tumorzellen rekrutieren. Hierbei ist die Funktion des Zielmoleküls selbst und seine Rolle bei der Tumorentstehung vollkommen unerheblich.

15

Der Begriff „Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine ungeradzahlige Sequenznummer aufweisen“ umfasst in Bezug auf Nukleinsäuresequenzen alle im Sequenzprotokoll aufgeführten Nukleinsäuresequenzen. Solche Sequenzen umfassen die Nukleinsäuresequenzen der SEQ ID NOs: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 49, 51, 53, 55, 57, 59, 61, 63, 65, 67, 69, 71, 73, 75, 77, 79, 81, 83, 85, 87, 89, 91, 93, 95, 97, 99, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 115, 117, 119, 121, 123, 125, 127, 129, 131, 133, 135, 137, 139, 141, 143, 145, 147, 149, 151, 153, 155, 157, 159, 161, 163, 165, 167, 169, 171, 173, 175, 177, 179, 181, 183, 185, 187, 189, 191, 193, 195, 197, 199, 201, 203, 205, 207, 209, 211, 213, 215, 217, 219, 221, 223, 225, 227, 229, 231, 233, 235, 237, 239, 241, 243, 245, 247, 249, 251, 253, 255, 257, 259, 261, 263, 265, 267, 269, 271, 273, 275, 277, 279, 281, 283, 285, 287, 289, 291, 293, 295, 297, 299, 301, 303 und 305.

25

Der Begriff „Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine geradzahlige Sequenznummer aufweisen“ umfasst in Bezug auf Aminosäuresequenzen alle im Sequenzprotokoll aufgeführten Aminosäuresequenzen. Solche Sequenzen umfassen die Aminosäuresequenzen der SEQ ID NOs: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 50, 52, 54, 56, 58, 60, 62, 64, 66, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 86, 88, 90, 92, 94, 96, 98, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162, 164, 166, 168,

30

170, 172, 174, 176, 178, 180, 182, 184, 186, 188, 190, 192, 194, 196, 198, 200, 202, 204, 206, 208, 210, 212, 214, 216, 218, 220, 222, 224, 226, 228, 230, 232, 234, 236, 238, 240, 242, 244, 246, 248, 250, 252, 254, 256, 258, 260, 262, 264, 266, 268, 270, 272, 274, 276, 278, 280, 282, 284, 286, 288, 290, 292, 294, 296, 298, 300, 302, 304 und 306.

5

Mit „Derivat“ einer Nukleinsäure ist erfindungsgemäß gemeint, dass einzelne oder multiple Nukleotidsubstitutionen, -deletionen und/oder -additionen in der Nukleinsäure vorliegen. Weiterhin umfasst der Begriff „Derivat“ auch eine chemische Derivatisierung einer Nukleinsäure an einer Base, einem Zucker oder Phosphat eines Nukleotids. Der Begriff „Derivat“ umfasst auch Nukleinsäuren, die nicht in der Natur vorkommende Nukleotide und Nukleotidanaloga enthalten.

10

Eine Nukleinsäure ist erfindungsgemäß vorzugsweise Desoxyribonukleinsäure (DNA) oder Ribonukleinsäure (RNA). Nukleinsäuren umfassen erfindungsgemäß genomische DNA, cDNA, mRNA, rekombinant hergestellte und chemisch synthetisierte Moleküle. Eine Nukleinsäure kann erfindungsgemäß als einzelsträngiges oder doppelsträngiges und lineares oder kovalent kreisförmig geschlossenes Molekül vorliegen.

15

Die erfindungsgemäß beschriebenen Nukleinsäuren sind vorzugsweise isoliert. Der Begriff „isolierte Nukleinsäure“ bedeutet erfindungsgemäß, dass die Nukleinsäure (i) *in vitro* amplifiziert wurde, zum Beispiel durch Polymerase-Kettenreaktion (PCR), (ii) rekombinant durch Klonierung produziert wurde, (iii) gereinigt wurde, zum Beispiel durch Spaltung und gelelektrophoretische Auftrennung, oder (iv) synthetisiert wurde, zum Beispiel durch chemische Synthese. Eine isolierte Nukleinsäure ist eine Nukleinsäure, die für eine Manipulierung durch rekombinante DNA-Techniken zur Verfügung steht.

20

25

Eine Nukleinsäure ist dann zu einer anderen Nukleinsäure „komplementär“, wenn die beiden Sequenzen miteinander hybridisieren und ein stabiles Duplexmolekül eingehen können, wobei die Hybridisierung vorzugsweise unter Bedingungen erfolgt, die eine spezifische Hybridisierung zwischen Polynukleotiden erlauben (stringente Bedingungen). Stringente Bedingungen sind beispielsweise in Molecular Cloning: A Laboratory Manual, J. Sambrook et al., Hrsg., 2. Auflage, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, New York, 1989, oder Current Protocols in Molecular Biology, F.M. Ausubel et al., Hrsg., John Wiley & Sons, Inc., New York beschrieben und betreffen beispielsweise die Hybridisierung

30

bei 65°C in Hybridisierungspuffer (3,5 x SSC, 0,02% Ficoll, 0,02% Polyvinylpyrrolidon, 0,02% Rinderserumalbumin, 2,5 mM NaH₂PO₄ (pH 7), 0,5% SDS, 2 mM EDTA). SSC ist eine Lösung mit jeweils 0,15 M Natriumchlorid und Natriumcitrat, pH 7. Nach der Hybridisierung wird die Membran, auf die die DNA übertragen wurde, beispielsweise in 2 x
5 SSC bei Raumtemperatur und sodann in 0,1 - 0,5 x SSC / 0,1 x SDS bei Temperaturen bis 68°C gewaschen.

Komplementäre Nukleinsäuren weisen erfindungsgemäß mindestens 40%, insbesondere mindestens 50%, mindestens 60%, mindestens 70%, mindestens 80%, mindestens 90% und
10 vorzugsweise mindestens 95%, mindestens 98% oder mindestens 99% Identität der Nukleotide auf.

Nukleinsäuren, die für Tumor-assoziierte Antigene kodieren, können erfindungsgemäß alleine oder in Kombination mit anderen Nukleinsäuren, insbesondere heterologen Nukleinsäuren,
15 vorliegen. In bevorzugten Ausführungsformen liegt eine Nukleinsäure funktionell in Verbindung mit Expressionskontrollsequenzen oder regulatorischen Sequenzen vor, die in Bezug zu der Nukleinsäure homolog oder heterolog sein können. Eine kodierende Sequenz und eine regulatorische Sequenz sind dann „funktionell“ miteinander verbunden, falls sie derart kovalent miteinander verknüpft sind, dass die Expression oder Transkription der
20 kodierenden Sequenz unter der Kontrolle oder unter dem Einfluss der regulatorischen Sequenz steht. Falls die kodierende Sequenz in ein funktionelles Protein translatiert werden soll, führt bei einer funktionellen Verbindung einer regulatorischen Sequenz mit der kodierenden Sequenz eine Induktion der regulatorischen Sequenz zu einer Transkription der
kodierenden Sequenz, ohne dass es zu einer Leserasterverschiebung in der kodierenden
25 Sequenz oder zu einem Unvermögen der kodierenden Sequenz kommt, in das gewünschte Protein oder Peptid translatiert zu werden.

Der Begriff „Expressionskontrollsequenz“ oder „regulatorische Sequenz“ umfasst erfindungsgemäß Promotoren, Enhancer und andere Kontrollelemente, die die Expression
30 eines Gens steuern. In bestimmten erfindungsgemäßen Ausführungsformen sind die Expressionskontrollsequenzen regulierbar. Die genaue Struktur von regulatorischen Sequenzen kann speziesabhängig oder zelltypusabhängig variieren, umfasst jedoch im allgemeinen 5'-nicht-transkribierte und 5'-nicht-translatierte Sequenzen, die an der Initiation der Transkription bzw. Translation beteiligt sind wie TATA-Box, Capping-Sequenz, CAAT-

Sequenz und ähnliches. Insbesondere umfassen 5'-nicht-transkribierte Regulationssequenzen eine Promotorregion, die eine Promotorsequenz für eine transkriptionelle Kontrolle des funktionell verbundenen Gens einschließt. Regulatorische Sequenzen können auch Enhancer-Sequenzen oder stromaufwärts gelegene Aktivatorsequenzen umfassen.

5

Zum einen können also die hier dargestellten Tumorassoziierten Antigene mit beliebigen Expressionskontrollsequenzen und Promotoren kombiniert werden. Zum anderen aber können erfindungsgemäß die Promotoren der hier dargestellten Tumor-assoziierten Genprodukte mit beliebigen anderen Genen kombiniert werden. Dies erlaubt, die selektive Aktivität dieser

10 Promotoren zu nutzen.

Des weiteren kann eine Nukleinsäure erfindungsgemäß in Verbindung mit einer anderen Nukleinsäure vorliegen, die für ein Polypeptid kodiert, das eine Sekretion des durch die Nukleinsäure kodierten Proteins oder Polypeptids aus einer Wirtszelle steuert. Auch kann eine

15 Nukleinsäure erfindungsgemäß in Verbindung mit einer anderen Nukleinsäure vorliegen, die für ein Polypeptid kodiert, das eine Verankerung des kodierten Proteins oder Polypeptids auf der Zellmembran der Wirtszelle oder seine Kompartimentalisierung in bestimmte Organellen dieser Zelle herbeiführt.

20 In einer bevorzugten Ausführungsform ist ein rekombinantes DNA-Molekül erfindungsgemäß ein Vektor, gegebenenfalls mit einem Promotor, der die Expression einer Nukleinsäure, z.B. einer Nukleinsäure, die für eine erfindungsgemäßes Tumor-assoziiertes Antigen kodiert, steuert. Der Begriff „Vektor“ wird dabei in seiner allgemeinsten Bedeutung verwendet und umfasst jegliche intermediären Vehikel für eine Nukleinsäure, die es z.B. ermöglichen, die

25 Nukleinsäure in prokaryontische und/oder in eukaryontische Zellen einzubringen und gegebenenfalls in ein Genom zu integrieren. Solche Vektoren werden vorzugsweise in der Zelle repliziert und/oder exprimiert. Ein intermediäres Vehikel kann z.B. für den Gebrauch bei der Elektroporation, beim Mikroprojektilbeschuss, bei der liposomalen Verabreichung, beim Transfer mit Hilfe von Agrobakterien oder bei der Insertion über DNA- oder RNA-
30 Viren angepasst sein. Vektoren umfassen Plasmide, Phagemide, Bacteriophage oder Virusgenome.

Die Nukleinsäuren, die für ein erfindungsgemäß identifiziertes Tumor-assoziiertes Antigen kodieren, können für eine Transfektion von Wirtszellen eingesetzt werden. Mit Nukleinsäuren

ist dabei sowohl rekombinante DNA wie auch RNA gemeint. Rekombinante RNA kann durch *in vitro*-Transkription von einer DNA-Matrize hergestellt werden. Sie kann des weiteren vor Applikation durch stabilisierende Sequenzen, Capping und Poly-Adenylierung modifiziert werden. Der Begriff „Wirtszelle“ betrifft erfindungsgemäß jede Zelle, die mit einer exogenen Nukleinsäure transformierbar oder transfizierbar ist. Der Begriff „Wirtszellen“ umfasst erfindungsgemäß prokaryontische (z.B. *E. coli*) oder eukaryontische (z.B. dendritische Zellen, B-Zellen, CHO-Zellen, COS-Zellen, K562-Zellen, Hefezellen und Insektenzellen). Besonders bevorzugt sind Säugerzellen wie Zellen aus Mensch, Maus, Hamster, Schwein, Ziege und Primaten. Die Zellen können aus einer Vielzahl von Gewebetypen abgeleitet sein und umfassen primäre Zellen und Zelllinien. Spezifische Beispiele umfassen Keratinozyten, periphere Blutleukozyten, Stammzellen des Knochenmarks und embryonale Stammzellen. In weiteren Ausführungsformen ist die Wirtszelle eine Antigen-präsentierende Zelle, insbesondere eine dendritische Zelle, ein Monozyt oder Makrophage. Eine Nukleinsäure kann in der Wirtszelle in einer einzigen oder in mehreren Kopien vorliegen und wird in einer Ausführungsform in der Wirtszelle exprimiert.

Der Begriff „Expression“ wird erfindungsgemäß in seiner allgemeinsten Bedeutung verwendet und umfasst die Produktion von RNA oder von RNA und Protein. Er umfasst auch eine teilweise Expression von Nukleinsäuren. Des weiteren kann die Expression transient oder stabil erfolgen. Bevorzugte Expressionssysteme in Säugerzellen umfassen pcDNA3.1 und pRc/CMV (Invitrogen, Carlsbad, CA), die einen selektierbaren Marker enthalten wie ein Gen, das eine Resistenz gegenüber G418 verleiht (und somit eine Selektion stabil transfizierter Zelllinien ermöglicht), und die Enhancer-Promotor-Sequenzen von Cytomegalovirus (CMV).

In den Fällen der Erfindung, in denen ein HLA-Molekül ein Tumor-assoziiertes Antigen oder einen Teil davon präsentiert, kann ein Expressionsvektor auch eine Nukleinsäuresequenz umfassen, die für das HLA-Molekül kodiert. Die Nukleinsäuresequenz, die für das HLA-Molekül kodiert, kann auf demselben Expressionsvektor wie die Nukleinsäure, die für das Tumor-assoziierte Antigen oder den Teil davon kodiert, vorliegen oder beide Nukleinsäuren können auf verschiedenen Expressionsvektoren vorliegen. Im letzteren Fall können die beiden Expressionsvektoren in eine Zelle cotransfiziert werden. Falls eine Wirtszelle weder das Tumor-assoziierte Antigen oder den Teil davon noch das HLA-Molekül exprimiert, werden beide dafür kodierenden Nukleinsäuren entweder auf demselben Expressionsvektor oder auf

verschiedenen Expressionsvektoren in die Zelle transfiziert. Falls die Zelle bereits das HLA-Molekül exprimiert, kann nur die Nukleinsäuresequenz, die für das Tumor-assoziierte Antigen oder den Teil davon kodiert, in die Zelle transfiziert werden.

5 Erfindungsgemäß umfasst sind Kits zur Amplifikation einer Nukleinsäure, die für ein Tumor-assoziiertes Antigen kodiert. Solche Kits umfassen beispielsweise ein Paar von Amplifikationsprimern, die an die Nukleinsäure hybridisieren, die für das Tumor-assoziierte Antigen kodiert. Die Primer umfassen vorzugsweise eine Sequenz von 6-50, insbesondere 10-30, 15-30 oder 20-30 zusammenhängenden Nukleotiden aus der Nukleinsäure und sind nicht-
10 überlappend, um die Bildung von Primer-Dimeren zu vermeiden. Einer der Primer wird an einen Strang der Nukleinsäure hybridisieren, die für das Tumor-assoziierte Antigen kodiert, und der andere Primer wird an den komplementären Strang in einer Anordnung hybridisieren, die eine Amplifikation der Nukleinsäure, die für das Tumor-assoziierte Antigen kodiert, erlaubt.

15

„Antisense“-Moleküle oder „Antisense“-Nukleinsäuren können zur Regulierung, insbesondere der Reduktion der Expression einer Nukleinsäure verwendet werden. Der Begriff „Antisense-Molekül“ oder „Antisense-Nukleinsäure“ betrifft erfindungsgemäß ein Oligonukleotid, das ein Oligoribonukleotid, Oligodesoxyribonukleotid, modifiziertes
20 Oligoribonukleotid oder modifiziertes Oligodesoxyribonukleotid ist und das unter physiologischen Bedingungen an DNA, die ein bestimmtes Gen umfasst, oder mRNA dieses Gens hybridisiert, wodurch die Transkription dieses Gens und/oder die Translation dieser mRNA gehemmt wird. Ein „Antisense-Molekül“ umfasst erfindungsgemäß auch ein Konstrukt, das eine Nukleinsäure oder einen Teil davon in reverser Orientierung in Bezug auf
25 ihren natürlichen Promotor enthält. Ein Antisense-Transkript einer Nukleinsäure oder eines Teils davon kann ein Duplexmolekül mit der natürlich vorkommenden mRNA, die das Enzym spezifiziert, eingehen und so eine Akkumulation von oder die Translation der mRNA in das aktive Enzym verhindern. Eine weitere Möglichkeit ist die Verwendung von Ribozymen zur Inaktivierung einer Nukleinsäure. Bevorzugte erfindungsgemäße Antisense-
30 Oligonukleotide weisen eine Sequenz von 6-50, insbesondere 10-30, 15-30 oder 20-30 zusammenhängenden Nukleotiden aus der Ziel-Nukleinsäure auf und sind vorzugsweise vollständig zu der Ziel-Nukleinsäure oder einem Teil davon komplementär.

In bevorzugten Ausführungsformen hybridisiert das Antisense-Oligonukleotid mit einer N-terminalen oder 5'-stromaufwärts gelegenen Stelle wie einer Translationsinitiations-, Transkriptionsinitiations- oder Promotorstelle. In weiteren Ausführungsformen hybridisiert das Antisense-Oligonukleotid mit einer 3'-nicht-translatierten Region oder mRNA-Spleiß-

5 Stelle.

In einer Ausführungsform besteht ein erfindungsgemäßes Oligonukleotid aus Ribonukleotiden, Desoxyribonukleotiden oder einer Kombination davon. Dabei sind das 5'-Ende eines Nukleotids und das 3'-Ende eines anderen Nukleotids durch eine

10 Phosphodiesterbindung miteinander verknüpft. Diese Oligonukleotide können in herkömmlicher Weise synthetisiert oder rekombinant produziert werden.

In bevorzugten Ausführungsformen ist ein erfindungsgemäßes Oligonukleotid ein „modifiziertes“ Oligonukleotid. Dabei kann das Oligonukleotid, um beispielsweise seine

15 Stabilität oder therapeutische Wirksamkeit zu erhöhen, auf verschiedenste Art und Weise modifiziert sein ohne dass seine Fähigkeit, an sein Ziel zu binden, beeinträchtigt wird. Der Begriff „modifiziertes Oligonukleotid“ bedeutet erfindungsgemäß ein Oligonukleotid, bei dem (i) mindestens zwei seiner Nukleotide durch eine synthetische Internukleosidbindung (d.h. eine Internukleosidbindung, die keine Phosphodiesterbindung ist) miteinander verknüpft

20 sind und/oder (ii) eine chemische Gruppe kovalent mit dem Oligonukleotid verbunden ist, die normalerweise nicht bei Nukleinsäuren auftritt. Bevorzugte synthetische Internukleosidbindungen sind Phosphorothioate, Alkylphosphonate, Phosphorodithioate, Phosphatester, Alkylphosphonothioate, Phosphoramidate, Carbamate, Carbonate, Phosphattriester, Acetamidate, Carboxymethylester und Peptide.

25

Der Begriff „modifiziertes Oligonukleotid“ umfasst auch Oligonukleotide mit einer kovalent modifizierten Base und/oder Zucker. „Modifizierte Oligonukleotide“ umfassen beispielsweise Oligonukleotide mit Zuckerresten, die kovalent an organische Gruppen mit einem geringen Molekulargewicht gebunden sind, die keine Hydroxylgruppe an der 3'-Position und keine

30 Phosphatgruppe an der 5'-Position sind. Modifizierte Oligonukleotide können beispielsweise einen 2'-O-alkylierten Riboserest oder einen anderen Zucker anstelle von Ribose wie Arabinose umfassen.

Die erfindungsgemäß beschriebenen Proteine und Polypeptide sind vorzugsweise isoliert. Die Begriffe „isoliertes Protein“ oder „isoliertes Polypeptid“ bedeuten, dass das Protein oder Polypeptid von seiner natürlichen Umgebung getrennt ist. Ein isoliertes Protein oder Polypeptid kann in einem im wesentlichen aufgereinigten Zustand vorliegen. Der Begriff „im wesentlichen aufgereinigt“ bedeutet, dass das Protein oder Polypeptid im wesentlichen frei von anderen Substanzen vorliegt, mit denen es in der Natur oder *in vivo* vorliegt.

Solche Proteine und Polypeptide dienen beispielsweise der Herstellung von Antikörpern und sind in einem immunologischen oder diagnostischen Assay oder als Therapeutika einsetzbar. Erfindungsgemäß beschriebene Proteine und Polypeptide können aus biologischen Proben wie Gewebe- oder Zellhomogenaten isoliert werden und können auch rekombinant in einer Vielzahl pro- oder eukaryontischer Expressionssysteme exprimiert werden.

„Derivate“ eines Proteins oder Polypeptids oder einer Aminosäuresequenz im Sinne dieser Erfindung umfassen Aminosäure-Insertionsvarianten, Aminosäure-Deletionsvarianten und/oder Aminosäure-Substitutionsvarianten.

Aminosäure-Insertionsvarianten umfassen amino- und/oder carboxyterminale Fusionen, sowie Insertionen von einzelnen oder mehreren Aminosäuren in einer bestimmten Aminosäuresequenz. Bei Aminosäure-Sequenzvarianten mit einer Insertion werden ein oder mehrere Aminosäurereste in eine vorbestimmte Stelle in einer Aminosäuresequenz eingebracht, obwohl eine zufällige Insertion mit geeignetem Screening des resultierenden Produkts auch möglich ist. Aminosäure-Deletionsvarianten sind durch das Entfernen von einer oder mehreren Aminosäuren aus der Sequenz charakterisiert. Aminosäure-Substitutionsvarianten zeichnen sich dadurch aus, dass wenigstens ein Rest in der Sequenz entfernt und ein anderer Rest an dessen Stelle eingefügt wird. Vorzugsweise befinden sich die Modifikationen an Positionen in der Aminosäuresequenz, die zwischen homologen Proteinen oder Polypeptiden nicht konserviert sind. Vorzugsweise werden Aminosäuren durch andere mit ähnlichen Eigenschaften, wie Hydrophobizität, Hydrophilizität, Elektronegativität, Volumen der Seitenkette und ähnliches, ersetzt (konservative Substitution). Konservative Substitutionen betreffen beispielsweise den Austausch einer Aminosäure durch eine andere, wobei beide Aminosäuren in derselben nachstehenden Gruppe aufgeführt sind:

1. kleine aliphatische, nicht-polare oder leicht-polare Reste: Ala, Ser, Thr (Pro, Gly)

2. negativ geladene Reste und ihre Amide: Asn, Asp, Glu, Gln
3. positiv geladene Reste: His, Arg, Lys
4. große aliphatische, nicht-polare Reste: Met, Leu, Ile, Val (Cys)
5. große aromatische Reste: Phe, Tyr, Trp.

5

Drei Reste sind aufgrund ihrer besonderen Rolle für die Proteinarchitektur in Klammern gesetzt. Gly ist der einzige Rest ohne eine Seitenkette und verleiht der Kette somit Flexibilität. Pro besitzt eine ungewöhnliche Geometrie, die die Kette stark einschränkt. Cys kann eine Disulfidbrücke bilden.

10

Die oben beschriebenen Aminosäure-Varianten können leicht mit Hilfe von bekannten Peptidsynthesetechniken wie z.B. durch „Solid Phase Synthesis“ (Merrifield, 1964) und ähnliche Verfahren oder durch rekombinante DNA-Manipulation hergestellt werden. Techniken, um Substitutionsmutationen an vorbestimmten Stellen in DNA einzubringen, die eine bekannte oder teilweise bekannte Sequenz besitzt, sind gut bekannt und umfassen z.B. M13-Mutagenese. Die Manipulation von DNA-Sequenzen zur Herstellung von Proteinen mit Substitutionen, Insertionen oder Deletionen ist z.B. in Sambrook et. al. (1989) ausführlich beschrieben.

15

20

„Derivate“ von Proteinen oder Polypeptiden umfassen erfindungsgemäß auch einzelne oder multiple Substitutionen, Deletionen und/oder Additionen jeglicher Moleküle, die mit dem Enzym assoziiert sind, wie Kohlenhydrate, Lipide und/oder Proteine oder Polypeptide. Ferner erstreckt sich der Begriff „Derivat“ auch auf alle funktionellen chemischen Äquivalente der Proteine oder Polypeptide.

25

30

Ein Teil oder Fragment eines Tumor-assoziierten Antigens weist erfindungsgemäß eine funktionelle Eigenschaft des Polypeptids auf, aus dem es abgeleitet ist. Solche funktionellen Eigenschaften umfassen die Interaktion mit Antikörpern, die Interaktion mit anderen Polypeptiden oder Proteinen, die selektive Bindung von Nukleinsäuren und eine enzymatische Aktivität. Eine bedeutende Eigenschaft ist die Fähigkeit, einen Komplex mit HLA einzugehen und gegebenenfalls eine Immunreaktion zu erzeugen. Diese Immunreaktion kann auf Stimulation von cytotoxischen oder Helfer-T-Zellen beruhen. Vorzugsweise umfasst ein erfindungsgemäßer Teil oder Fragment eines Tumor-assoziierten Antigens eine Sequenz von mindestens 6, insbesondere mindestens 8, mindestens 10, mindestens 12, mindestens 15,

mindestens 20, mindestens 30 oder mindestens 50 aufeinanderfolgenden Aminosäuren aus dem Tumor-assoziierten Antigen. Ein Teil oder Fragment eines Tumor-assoziierten Antigens ist vorzugsweise ein Teil des Tumor-assoziierten Antigens, der dem nicht-Transmembrananteil, insbesondere dem extrazellulären Anteil des Antigens entspricht oder
 5 davon umfasst wird.

Ein Teil oder ein Fragment einer Nukleinsäure, die für ein Tumor-assoziiertes Antigen kodiert, betrifft erfindungsgemäß den Teil der Nukleinsäure, der zumindest für das Tumor-assoziierte Antigen und/oder für einen Teil oder ein Fragment des Tumor-assoziierten
 10 Antigens wie vorstehend definiert kodiert. Vorzugsweise ist ein Teil oder Fragment einer Nukleinsäure, die für ein Tumor-assoziiertes Antigen kodiert, derjenige Teil, der dem offenen Leserahmen, insbesondere wie im Sequenzprotokoll angegeben entspricht.

Die Isolierung und Identifizierung von Genen, die für Tumor-assoziierte Antigene kodieren, ermöglicht auch die Diagnose einer Erkrankung, die sich durch die Expression von einem
 15 oder mehreren Tumor-assoziierten Antigenen auszeichnet. Diese Verfahren umfassen die Bestimmung einer oder mehrerer Nukleinsäuren, die für ein Tumor-assoziiertes Antigen kodieren, und/oder die Bestimmung der kodierten Tumor-assoziierten Antigene und/oder von davon abgeleiteten Peptiden. Eine Bestimmung der Nukleinsäure kann in herkömmlicher
 20 Weise erfolgen, einschließlich durch Polymerase-Kettenreaktion oder Hybridisierung mit einer markierten Sonde. Eine Bestimmung von Tumor-assoziierten Antigenen oder davon abgeleiteten Peptiden kann durch ein Screening von Patienten-Antisera in Bezug auf eine Erkennung des Antigens und/oder der Peptide erfolgen. Sie kann auch durch ein Screening
 von T-Zellen des Patienten auf Spezifität für das entsprechende Tumor-assoziierte Antigen
 25 erfolgen.

Die vorliegende Erfindung ermöglicht auch die Isolierung von Proteinen, die an hier beschriebene Tumor-assoziierte Antigene binden, einschließlich Antikörper und zelluläre Bindepartner der Tumor-assoziierten Antigene.

30

Erfindungsgemäß werden auch in bestimmten Ausführungsformen „dominant negative“ Polypeptide bereitgestellt, die von Tumor-assoziierten Antigenen abgeleitet sind. Ein dominant negatives Polypeptid ist eine inaktive Variante eines Proteins, die durch Interaktion mit der zellulären Maschinerie ein aktives Protein von seiner Interaktion mit der zellulären

Maschinerie verdrängt oder mit dem aktiven Protein kompetitiert, wodurch die Wirkung des aktiven Proteins verringert wird. Zum Beispiel kann ein dominant negativer Rezeptor, der einen Liganden bindet, jedoch kein Signal in Reaktion auf die Bindung des Liganden erzeugt, die biologische Wirkung des Liganden verringern. In ähnlicher Weise kann eine dominant negative katalytisch-inaktive Kinase, die normalerweise mit Zielproteinen interagiert, jedoch die Zielproteine nicht phosphoryliert, die Phosphorylierung der Zielproteine in Reaktion auf ein zelluläres Signal verringern. In ähnlicher Weise kann ein dominant negativer Transkriptionsfaktor, der an eine Promotorstelle in der Kontrollregion eines Gens bindet, jedoch die Transkription des Gens nicht erhöht, die Wirkung eines normalen Transkriptionsfaktors durch die Besetzung von Promotorbindestellen ohne eine Erhöhung der Transkription verringern.

Das Ergebnis der Expression eines dominant negativen Polypeptids in einer Zelle ist eine Verringerung der Funktion aktiver Proteine. Der Fachmann kann dominant negative Varianten eines Proteins beispielsweise durch herkömmliche Mutageneseverfahren und Bewerten der dominant negativen Wirkung des Varianten-Polypeptids herstellen.

Erfindungsgemäß umfasst sind auch Stoffe wie Polypeptide, die an Tumor-assoziierte Antigene binden. Solche Bindestoffe können z.B. in Screening-Assays für einen Nachweis von Tumor-assoziierten Antigenen und Komplexen von Tumor-assoziierten Antigenen mit ihren Bindepartnern sowie bei einer Aufreinigung der Tumor-assoziierten Antigene und von Komplexen davon mit ihren Bindepartnern Verwendung finden. Solche Stoffe können auch für eine Hemmung der Aktivität Tumor-assoziiierter Antigene beispielsweise durch Bindung an solche Antigene Verwendung finden.

25

Erfindungsgemäß umfasst sind daher Bindestoffe wie z.B. Antikörper oder Antikörperfragmente, die die Fähigkeit aufweisen, selektiv an Tumor-assoziierte Antigene zu binden. Antikörper umfassen polyklonale und monoklonale Antikörper, die in herkömmlicher Weise hergestellt werden.

30

Es ist bekannt, dass nur ein kleiner Teil eines Antikörpermoleküls, das Paratop, an der Bindung des Antikörpers an sein Epitop beteiligt ist (vgl. Clark, W.R. (1986), *The Experimental Foundations of Modern Immunology*, Wiley & Sons, Inc., New York; Roitt, I. (1991), *Essential Immunology*, 7. Auflage, Blackwell Scientific Publications, Oxford). Die

pFc'- und Fc-Regionen sind z.B. Effektoren der Komplementkaskade, sind jedoch nicht an der Antigenbindung beteiligt. Ein Antikörper, von dem die pFc'-Region enzymatisch abgespalten wurde oder der ohne die pFc'-Region hergestellt wurde, bezeichnet als F(ab')₂-Fragment, trägt beide Antigenbindestellen eines vollständigen Antikörpers. In ähnlicher Weise trägt ein Antikörper, von dem die Fc-Region enzymatisch abgespalten wurde oder der ohne die Fc-Region hergestellt wurde, bezeichnet als Fab-Fragment, eine Antigenbindestelle eines intakten Antikörpermoleküls. Des weiteren bestehen Fab-Fragmente aus einer kovalent gebundenen leichten Kette eines Antikörpers und einem Teil der schweren Kette des Antikörpers, bezeichnet als Fd. Die Fd-Fragmente sind die Haupt-Determinanten der Antikörper-Spezifität (ein einzelnes Fd-Fragment kann mit bis zu zehn verschiedenen leichten Ketten assoziiert werden, ohne die Spezifität des Antikörpers zu verändern) und Fd-Fragmente behalten bei einer Isolierung die Fähigkeit, an ein Epitop zu binden.

Innerhalb des Antigen-bindenden Teils eines Antikörpers befinden sich komplementaritätsbestimmende Regionen (CDRs), die direkt mit dem Epitop des Antigens wechselwirken, und Gerüstregionen (FRs), die die Tertiärstruktur des Paratops aufrechterhalten. Sowohl in dem Fd-Fragment der schweren Kette als auch in der leichten Kette von IgG-Immunglobulinen befinden sich vier Gerüstregionen (FR1 bis FR4), die jeweils durch drei komplementaritätsbestimmende Regionen (CDR1 bis CDR3) getrennt sind. Die CDRs und insbesondere die CDR3-Regionen und noch mehr die CDR3-Region der schweren Kette sind größtenteils für die Antikörper-Spezifität verantwortlich.

Man weiß, dass die Nicht-CDR-Regionen eines Säuger-Antikörpers durch ähnliche Regionen von Antikörpern mit der gleichen oder einer anderen Spezifität ersetzt werden können, wobei die Spezifität für das Epitop des ursprünglichen Antikörpers erhalten bleibt. Dies ermöglichte die Entwicklung sogenannter „humanisierter“ Antikörper, bei denen nicht-menschliche CDRs kovalent mit menschlichen FR- und/oder Fc/pFc'-Regionen für die Herstellung eines funktionellen Antikörpers verbunden sind.

Zum Beispiel beschreibt die WO 92/04381 die Herstellung und Verwendung von humanisierten RSV-Antikörpern aus Maus, bei denen mindestens ein Teil der FR-Regionen aus Maus durch FR-Regionen eines menschlichen Ursprungs ersetzt wurden. Solche Antikörper, einschließlich Fragmente intakter Antikörper mit einer Antigen-Bindfähigkeit werden oft als „chimäre“ Antikörper bezeichnet.

Erfindungsgemäß werden auch F(ab')₂-, Fab-, Fv- und Fd-Fragmente von Antikörpern, chimäre Antikörper, bei denen die Fc- und/oder FR- und/oder CDR1- und/oder CDR2- und/oder leichte Kette-CDR3-Regionen durch homologe menschliche oder nicht-menschliche Sequenzen ersetzt wurden, chimäre F(ab')₂-Fragment-Antikörper, bei denen die FR- und/oder CDR1- und/oder CDR2- und/oder leichte Kette-CDR3-Regionen durch homologe menschliche oder nicht-menschliche Sequenzen ersetzt wurden, chimäre Fab-Fragment-Antikörper, bei denen die FR- und/oder CDR1- und/oder CDR2- und/oder leichte Kette-CDR3-Regionen durch homologe menschliche oder nicht-menschliche Sequenzen ersetzt wurden, und chimäre Fd-Fragment-Antikörper, bei denen die FR- und/oder CDR1- und/oder CDR2-Regionen durch homologe menschliche oder nicht-menschliche Sequenzen ersetzt wurden, bereitgestellt. Erfindungsgemäß umfasst sind auch sogenannte einzelkettige Antikörper.

Vorzugsweise ist ein erfindungsgemäß verwendeter Antikörper gegen eine der geradzahligen in SEQ ID NO:2-306 des Sequenzprotokolls dargestellten Sequenzen gerichtet und/oder kann durch Immunisierung mit diesen Peptidenerhalten werden.

Erfindungsgemäß umfasst sind auch Polypeptide, die spezifisch an Tumor-assoziierte Antigene binden. Beispielsweise können solche Polypeptid-Bindestoffe durch degenerierte Peptid-Bibliotheken bereitgestellt werden, die einfach in Lösung in einer immobilisierten Form oder als Phagen-Display-Bibliotheken hergestellt werden können. Kombinatorische Bibliotheken aus Peptiden mit einer oder mehreren Aminosäuren können ebenfalls hergestellt werden. Ferner können Bibliotheken aus Peptoiden und nicht-peptidischen synthetischen Resten hergestellt werden.

Phagen-Display kann besonders wirksam bei der Identifizierung erfindungsgemäßer Bindepeptide sein. Dabei wird beispielsweise eine Phagen-Bibliothek (durch Verwendung beispielsweise des m13-, fd- oder lambda-Phagen) hergestellt, die Inserts einer Länge von 4 bis etwa 80 Aminosäureresten präsentiert. Es werden sodann Phagen ausgewählt, die Inserts tragen, die an das Tumor-assoziierte Antigen binden. Dieser Prozess kann über mehrere Zyklen einer Rückselektion von Phagen wiederholt werden, die an das Tumor-assoziierte Antigen binden. Wiederholte Runden führen zu einer Anreicherung von Phagen, die bestimmte Sequenzen tragen. Es kann eine Analyse von DNA-Sequenzen erfolgen, um die

Sequenzen der exprimierten Polypeptide zu identifizieren. Der kleinste lineare Anteil der Sequenz, der an das Tumor-assoziierte Antigen bindet, kann bestimmt werden. Das „two-hybrid-System“ aus Hefe kann auch für die Identifizierung von Polypeptiden eingesetzt werden, die an ein Tumor-assoziiertes Antigen binden. Erfindungsgemäß beschriebene

5 Tumor-assoziierte Antigene oder Fragmente davon können für ein Screening von Peptid-Bibliotheken, einschließlich Phagen-Display-Bibliotheken, eingesetzt werden, um Peptid-Bindepartner der Tumor-assoziierten Antigene zu identifizieren und selektieren. Solche Moleküle können beispielsweise für Screening-Assays, Aufreinigungsprotokolle, für eine Interferenz mit der Funktion des Tumor-assoziierten Antigens und für andere Zwecke, die
10 dem Fachmann bekannt sind, verwendet werden.

Die vorstehend beschriebenen Antikörper und andere Bindemoleküle können beispielsweise für die Identifizierung von Gewebe verwendet werden, das ein Tumor-assoziiertes Antigen exprimiert. Antikörper können auch an spezifische diagnostische Stoffe für eine Darstellung
15 von Zellen und Geweben gekoppelt werden, die Tumor-assoziierte Antigene exprimieren. Sie können ferner an therapeutisch nützliche Stoffe gekoppelt werden. Diagnostische Stoffe umfassen in nicht begrenzender Weise Bariumsulfat, Iocetaminsäure, Iopansäure, Calcium-Ipodat, Natrium-Diatrizoat, Meglumin-Diatrizoat, Metrizamid, Natrium-Tyropanoat und Radiodiagnostika, einschließlich Positronen-Emitter wie Fluor-18 und Kohlenstoff-11,
20 gamma-Emitter wie Iod-123, Technetium-99m, Iod-131 und Indium-111, Nuklide für magnetische Kernresonanz wie Fluor und Gadolinium. Der Begriff „therapeutisch nützlicher Stoff“ meint erfindungsgemäß jedes therapeutische Molekül, das wunschgemäß selektiv zu einer Zelle geführt wird, die ein oder mehrere Tumor-assoziierte Antigene exprimiert, einschließlich Antikrebsmittel, mit radioaktivem Iod versehene Verbindungen, Toxine,
25 cytostatische oder cytolytische Arzneistoffe, usw. Antikrebsmittel umfassen beispielsweise Aminoglutethimid, Azathioprin, Bleomycinsulfat, Busulfan, Carmustin, Chlorambucil, Cisplatin, Cyclophosphamid, Cyclosporin, Cytarabin, Dacarbazin, Dactinomycin, Daunorubin, Doxorubicin, Taxol, Etoposid, Fluoruracil, Interferon- α , Lomustin, Mercaptopurin, Methotrexat, Mitotan, Procarbazin-HCl, Thioguanin, Vinblastinsulfat und
30 Vincristinsulfat. Weitere Antikrebsmittel sind beispielsweise in Goodman und Gilman, „The Pharmacological Basis of Therapeutics“, 8. Auflage, 1990, McGraw-Hill, Inc., insbesondere Kapitel 52 (Antineoplastic Agents (Paul Calabresi und Bruce A. Chabner)) beschrieben. Toxine können Proteine wie Pokeweed-antivirales Protein, Cholera-toxin, Pertussistoxin,

Ricin, Gelonin, Abrin, Diphtherie-Exotoxin oder *Pseudomonas*-Exotoxin sein. Toxinreste können auch Hochenergie-emittierende Radionuklide wie Kobalt-60 sein.

5 Der Begriff „Patient“ bedeutet erfindungsgemäß Mensch, nicht menschlicher Primat oder ein anderes Tier, insbesondere Säugetier wie Kuh, Pferd, Schwein, Schaf, Ziege, Hund, Katze oder Nagetier wie Maus und Ratte. In einer besonders bevorzugten Ausführungsform ist der Patient ein Mensch.

10 Der Begriff „Erkrankung“ betrifft erfindungsgemäß jeden pathologischen Zustand, bei dem Tumor-assoziierte Antigene exprimiert oder abnormal exprimiert werden. „Abnormale Expression“ bedeutet erfindungsgemäß, dass die Expression gegenüber dem Zustand bei einem gesunden Individuum verändert, vorzugsweise erhöht ist. Eine Erhöhung der Expression betrifft eine Erhöhung um mindestens 10%, insbesondere mindestens 20%, mindestens 50% oder mindestens 100%. In einer Ausführungsform wird das Tumor-assozierte Antigen nur in Gewebe eines erkrankten Individuums exprimiert, während die Expression bei einem gesunden Individuum reprimiert ist. Ein Beispiel einer solchen Erkrankung ist Krebs, insbesondere Seminome, Melanome, Teratome, Gliome, Colon-, Rektal-, Nieren-, Brust-, Prostata-, Gebärmutter-, Ovarial-, Endometrial-, Speiseröhren-, Blut-, Leber-, Pankreas-, Haut-, Gehirn- und Lungenkrebs, Lymphome und Neuroblastome. 20 Beispiele hierfür sind Lungen-, Brust-, Prostata-, Colontumor, Nierenzell-, Zervix-, Colon- und Mammakarzinom oder Metastasen der vorstehenden Krebsarten oder Tumore.

25 Eine biologische Probe kann erfindungsgemäß eine Gewebe- und/oder zelluläre Probe sein und kann für eine Verwendung in den verschiedenen, hier beschriebenen Verfahren in herkömmlicher Weise gewonnen werden, wie durch Gewebebiopsie, einschließlich Stanzbiopsie, und Entnahme von Blut, Bronchialaspirat, Urin, Fäces oder anderen Körperflüssigkeiten.

30 Der Begriff „immunreaktive Zelle“ bedeutet erfindungsgemäß eine Zelle, die in eine Immunzelle (wie B-Zelle, Helfer-T-Zelle oder cytolytische T-Zelle) bei geeigneter Stimulierung reifen kann. Immunreaktive Zellen umfassen CD34⁺ hämatopoietische Stammzellen, unreife und reife T-Zellen sowie unreife und reife B-Zellen. Falls die Herstellung cytolytischer oder Helfer-T-Zellen, die ein Tumor-assoziiertes Antigen erkennen, gewünscht ist, wird die immunreaktive Zelle mit einer Zelle, die ein Tumor-assoziiertes

Antigen exprimiert, unter Bedingungen in Kontakt gebracht, die eine Produktion, Differenzierung und/oder Selektion von cytolytischen sowie Helfer-T-Zellen begünstigen. Die Differenzierung von T-Zell-Vorläufern in eine cytolytische T-Zelle bei einer Exposition gegenüber einem Antigen ist ähnlich zur klonalen Selektion des Immunsystems.

5

Manche therapeutische Verfahren beruhen auf einer Reaktion des Immunsystems eines Patienten, die zu einer Lyse Antigen-präsentierender Zellen führt, wie Krebszellen, die ein oder mehrere Tumor-assoziierte Antigene präsentieren. Dabei werden beispielsweise autologe cytotoxische T-Lymphozyten, die für einen Komplex aus einem Tumor-assoziierten Antigen und einem MHC-Molekül spezifisch sind, an einen Patienten mit einer Zellabnormalie verabreicht. Die Produktion solcher cytotoxischer T-Lymphozyten *in vitro* ist bekannt. Ein Beispiel für ein Verfahren zur Differenzierung von T-Zellen findet sich in der WO-A-96/33265. Im Allgemeinen wird eine Probe mit Zellen wie Blutzellen aus dem Patienten entnommen und die Zellen werden mit einer Zelle in Kontakt gebracht, die den Komplex präsentiert und eine Vermehrung von cytotoxischen T-Lymphozyten auslösen kann (z.B. dendritische Zellen). Die Zielzelle kann eine transfizierte Zelle wie eine COS-Zelle sein. Diese transfizierten Zellen präsentieren den gewünschten Komplex auf ihrer Oberfläche und stimulieren bei einer Kontaktierung mit cytotoxischen T-Lymphozyten deren Vermehrung. Die klonal expandierten autologen cytotoxischen T-Lymphozyten werden sodann an den Patienten verabreicht.

Bei einem anderen Verfahren zur Selektion Antigen-spezifischer cytotoxischer T-Lymphozyten werden fluorogene Tetramere von MHC-Klasse I-Molekül/Peptid-Komplexen für einen Nachweis spezifischer Klone von cytotoxischen T-Lymphozyten verwendet (Altman et al., *Science* 274:94-96, 1996; Dunbar et al., *Curr. Biol.* 8:413-416, 1998). Lösliche MHC-Klasse I-Moleküle werden *in vitro* in Gegenwart von β_2 -Mikroglobulin und eines Peptid-Antigens, das an das Klasse I-Molekül bindet, gefaltet. Nach Aufreinigung der MHC/Peptid-Komplexe werden diese mit Biotin markiert. Tetramere werden durch Mischen der biotinylierten Peptid-MHC-Komplexe mit markiertem Avidin (z.B. Phycoerythrin) bei einem molaren Verhältnis von 4:1 gebildet. Tetramere werden sodann mit cytotoxischen T-Lymphozyten wie peripherem Blut oder Lymphknoten in Kontakt gebracht. Die Tetramere binden an cytotoxische T-Lymphozyten, die den Peptid-Antigen/MHC-Klasse I-Komplex erkennen. Zellen, die an die Tetramere gebunden werden, können durch Fluoreszenz-gesteuerte Zellsortierung für eine Isolierung reaktiver cytotoxischer T-Lymphozyten sortiert

werden. Die isolierten cytotoxischen T-Lymphozyten können sodann *in vitro* vermehrt werden.

- Bei einem therapeutischen Verfahren, das als adoptiver Transfer bezeichnet wird (Greenberg, *J. Immunol.* 136(5):1917, 1986; Riddel et al., *Science* 257:238, 1992; Lynch et al., *Eur. J. Immunol.* 21:1403-1410, 1991; Kast et al., *Cell* 59:603-614, 1989), werden Zellen, die den gewünschten Komplex präsentieren (z.B. dendritische Zellen), mit cytotoxischen T-Lymphozyten des zu behandelnden Patienten kombiniert, was zu einer Vermehrung spezifischer cytotoxischer T-Lymphozyten führt. Die vermehrten cytotoxischen T-Lymphozyten werden sodann an einen Patienten mit einer zellulären Abnormalie verabreicht, die sich durch bestimmte abnormale Zellen auszeichnet, die den spezifischen Komplex präsentieren. Die cytotoxischen T-Lymphozyten lysieren sodann die abnormalen Zellen, wodurch eine gewünschte therapeutische Wirkung erreicht wird.
- Oft lassen sich aus dem T-Zell-Repertoire eines Patienten lediglich niedrig-affine T-Zellen gegen einen solchen spezifischen Komplex vermehren, da die hochaffinen durch Toleranzentwicklung ausgelöscht worden sind. Eine Alternative kann hier ein Transfer des T-Zell-Rezeptors selbst sein. Hierfür werden ebenfalls Zellen, die den gewünschten Komplex präsentieren (z.B. dendritische Zellen), mit cytotoxischen T-Lymphozyten von Gesunden kombiniert. Dies führt zu einer Vermehrung hochaffiner spezifischer cytotoxischer T-Lymphozyten, wenn der Spender mit dem spezifischen Komplex bisher keinen Kontakt hatte. Der hochaffine T-Zell-Rezeptor aus diesen vermehrten spezifischen T-Lymphozyten wird kloniert und kann durch Gentransfer z.B. mit retroviralen Vektoren beliebig in T-Zellen von anderen Patienten transduziert werden. Adoptiver Transfer erfolgt dann mit diesen genetisch veränderten T-Lymphozyten (Stanislowski et al., *Nat. Immunol.* 2:962-70, 2001 ; Kessels et al., *Nat. Immunol.* 2:957-61, 2001).

Die vorstehenden therapeutischen Aspekte gehen davon aus, dass zumindest manche der abnormalen Zellen des Patienten einen Komplex aus einem Tumor-assoziierten Antigen und einem HLA-Molekül präsentieren. Eine Identifizierung solcher Zellen kann in an sich bekannter Weise erfolgen. Sobald Zellen, die den Komplex präsentieren, identifiziert wurden, können sie mit einer Probe aus dem Patienten, die cytotoxische T-Lymphozyten enthält, kombiniert werden. Falls die Zellen, die den Komplex präsentieren, durch die cytotoxischen

T-Lymphozyten lysiert werden, kann angenommen werden, dass ein Tumor-assoziiertes Antigen präsentiert wird.

- Der adoptive Transfer ist nicht die einzige Therapieform, die erfindungsgemäß anwendbar ist.
- 5 Cytotoxische T-Lymphozyten können auch *in vivo* in an sich bekannter Weise erzeugt werden. Bei einem Verfahren werden nicht-proliferative Zellen verwendet, die den Komplex exprimieren. Die Zellen, die dabei verwendet werden, werden diejenigen sein, die normalerweise den Komplex exprimieren, wie bestrahlte Tumorzellen oder Zellen, die mit einem oder beiden Genen transfiziert wurden, die für eine Präsentation des Komplexes
- 10 notwendig sind (d.h. das Antigen-Peptid und das präsentierende HLA-Molekül). Verschiedene Zelltypen können eingesetzt werden. Des weiteren können Vektoren verwendet werden, die eines oder beide der interessierenden Gene tragen. Virale oder bakterielle Vektoren sind besonders bevorzugt. Zum Beispiel können Nukleinsäuren, die für ein Tumor-assoziiertes Antigen oder einen Teil davon kodieren, funktionell mit Promotor- und
- 15 Enhancersequenzen verknüpft werden, die eine Expression des Tumor-assoziierten Antigens oder eines Fragments davon in bestimmten Geweben oder Zelltypen steuern. Die Nukleinsäure kann in einen Expressionsvektor eingebaut werden. Expressionsvektoren können nicht-modifizierte extrachromosomale Nukleinsäuren, Plasmide oder virale Genome sein, in die eine Insertion exogener Nukleinsäuren möglich ist. Nukleinsäuren, die für ein
- 20 Tumor-assoziiertes Antigen kodieren, können auch in ein retrovirales Genom inseriert werden, wodurch die Integration der Nukleinsäure in das Genom des Zielgewebes oder der Zielzelle ermöglicht wird. Bei diesen Systemen trägt ein Mikroorganismus wie Vacciniavirus, Poxvirus, Herpes simplex-Virus, Retrovirus oder Adenovirus das interessierende Gen und „infiziert“ de facto Wirtszellen. Eine weitere bevorzugte Form ist die Einbringung des
- 25 Tumor-assoziierten Antigens in Form von rekombinanter RNA. Diese kann z.B. durch liposomalen Transfer oder durch Elektroporation in Zellen eingebracht werden. Die resultierenden Zellen präsentieren den interessierenden Komplex und werden von autologen cytotoxischen T-Lymphozyten erkannt, die sich sodann vermehren.
- 30 Eine ähnliche Wirkung kann durch Kombination des Tumor-assoziierten Antigens oder eines Fragments davon mit einem Adjuvans erreicht werden, um einen Einbau in Antigen-präsentierende Zellen *in vivo* zu ermöglichen. Das Tumor-assoziierte Antigen oder ein Fragment davon können als Protein, als DNA (z.B. innerhalb eines Vektors) oder als RNA repräsentiert sein. Das Tumor-assoziierte Antigen wird prozessiert, um einen Peptidpartner

für das HLA-Molekül zu ergeben, während ein Fragment davon präsentiert werden kann, ohne dass eine weitere Prozessierung erforderlich ist. Letzteres ist insbesondere der Fall, wenn diese an HLA-Moleküle binden können. Verabreichungsformen, bei denen das Gesamt-Antigen *in vivo* von einer dendritischen Zelle prozessiert wird, sind bevorzugt, da hier auch
 5 Helfer-T-Zell-Antworten entstehen können. Eine effektive Immunantwort benötigt diese (Ossendorp et al., *Immunol. Lett.* 74:75-9, 2000; Ossendorp et al., *J. Exp. Med.* 187:693-702, 1998). Im allgemeinen kann eine wirksame Menge des Tumor-assoziierten Antigens an einen Patienten z.B. durch eine intradermale Injektion verabreicht werden. Die Injektion kann aber
 10 auch intranodal in einen Lymphknoten erfolgen (Maloy et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 98:3299-303, 2001). Sie kann auch in Kombination mit Reagenzien erfolgen, die eine Aufnahme in dendritische Zellen erleichtern. Bevorzugte Tumor-assoziierte Antigene umfassen diejenigen, die mit allogenen Krebs-Antiseren oder mit T-Zellen vieler Krebs-Patienten reagieren. Von besonderem Interesse sind aber auch solche, gegen die keine spontanen Immunantworten vorbestehen. Gegen diese können nachweislich Immunantworten
 15 induziert werden, die Tumoren lysieren können (Keogh et al., *J. Immunol.* 167:787-96, 2001; Appella et al., *Biomed. Pept. Proteins Nucleic Acids* 1:177-84, 1995; Wentworth et al., *Mol. Immunol.* 32:603-12, 1995).

Die erfindungsgemäß beschriebenen pharmazeutischen Zusammensetzungen können auch als
 20 Vakzinen für die Immunisierung eingesetzt werden. Die Begriffe „Immunisierung“ oder „Vakzinierung“ bedeuten erfindungsgemäß eine Erhöhung oder Aktivierung einer Immunreaktion gegenüber einem Antigen. Tiermodelle können für ein Testen einer immunisierenden Wirkung gegenüber Krebs durch Verwendung eines Tumor-assoziierten Antigens oder einer dafür kodierenden Nukleinsäure eingesetzt werden. Zum Beispiel können
 25 menschliche Krebszellen in eine Maus für die Schaffung eines Tumors eingebracht werden und eine oder mehrere Nukleinsäuren, die für Tumor-assoziierte Antigene kodieren, können verabreicht werden. Die Wirkung auf die Krebszellen (beispielsweise Verringerung der Tumorgroße) kann als Maß für die Wirksamkeit einer Immunisierung durch die Nukleinsäure gemessen werden.

30

Als Teil der Zusammensetzung für eine Immunisierung werden eines oder mehrere Tumor-assoziierte Antigene oder stimulierende Fragmente davon mit einem oder mehreren Adjuvantien für eine Induktion einer Immunreaktion oder eine Erhöhung einer Immunreaktion verabreicht. Ein Adjuvans ist eine Substanz, die in das Antigen eingebaut

oder gemeinsam mit diesem verabreicht wird und die Immunreaktion verstärkt. Adjuvanzien können die Immunreaktion durch Bereitstellen eines Antigen-Reservoirs (extrazellulär oder in Makrophagen), Aktivierung von Makrophagen und Stimulierung bestimmter Lymphozyten verstärken. Adjuvanzien sind bekannt und umfassen in nicht begrenzender Weise

5 Monophosphoryl-Lipid-A (MPL, SmithKline Beecham), Saponine wie QS21 (SmithKline Beecham), DQS21 (SmithKline Beecham; WO 96/33739), QS7, QS17, QS18 und QS-L1 (So et al., *Mol. Cells* 7:178-186, 1997), unvollständiges Freundsches Adjuvans, vollständiges Freundsches Adjuvans, Vitamin E, Montanid, Alaun, CpG-Oligonukleotide (vgl. Krieg et al., *Nature* 374:546-9, 1995) und verschiedene Wasser-in-Öl-Emulsionen, die aus biologisch

10 abbaubaren Ölen wie Squalen und/oder Tocopherol hergestellt werden. Vorzugsweise werden die Peptide in einer Mischung mit DQS21/MPL verabreicht. Das Verhältnis von DQS21 zu MPL beträgt typischerweise etwa 1:10 bis 10:1, vorzugsweise etwa 1:5 bis 5:1 und insbesondere etwa 1:1. Für eine Verabreichung an den Menschen sind DQS21 und MPL typischerweise in einer Vakzine-Formulierung in einem Bereich von etwa 1 µg bis etwa 100

15 µg vorhanden.

Andere Stoffe, die eine Immunreaktion des Patienten stimulieren, können auch verabreicht werden. Zum Beispiel sind Zytokine bei einer Vakzinierung aufgrund ihrer regulatorischen Eigenschaften auf Lymphozyten verwendbar. Solche Zytokine umfassen z.B. Interleukin-12

20 (IL-12), von dem gezeigt wurde, dass es die schützenden Wirkungen von Vakzinen verstärkt (vgl. *Science* 268:1432-1434, 1995), GM-CSF und IL-18.

Es gibt eine Reihe von Verbindungen, die eine Immunreaktion verstärken und die daher bei einer Vakzinierung eingesetzt werden können. Diese umfassen co-stimulierende Moleküle, die in Form von Proteinen oder Nukleinsäuren bereitgestellt werden. Solche co-stimulierenden Moleküle sind beispielsweise B7-1 und B7-2 (CD80 bzw. CD86), die auf dendritischen Zellen (DC) exprimiert werden und mit dem auf den T-Zellen exprimierten CD28-Molekül interagieren. Diese Interaktion stellt eine Co-Stimulierung (Signal 2) für eine Antigen/MHC/TCR-stimulierte (Signal 1) T-Zelle bereit, wodurch die Vermehrung der T-

25 Zelle und die Effektorfunktion verstärkt wird. B7 interagiert auch mit CTLA4 (CD152) auf T-Zellen und Untersuchungen, die CTLA4- und B7-Liganden einbeziehen, zeigen, dass die B7-CTLA4-Interaktion eine Antitumor-Immunität und CTL-Vermehrung verstärken kann (Zheng, P. et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 95(11):6284-6289 (1998)).

30

B7 wird typischerweise nicht auf Tumorzellen exprimiert, so dass diese keine wirksamen Antigen-präsentierenden Zellen (APCs) für T-Zellen sind. Eine Induktion der B7-Expression würde ermöglichen, dass Tumorzellen wirksamer eine Vermehrung von cytotoxischen T-Lymphozyten und eine Effektorfunktion stimulieren. Eine Co-Stimulierung durch eine Kombination von B7/IL-6/IL-12 zeigte eine Induktion des IFN-gamma- und Th1-Zytokin-Profils in einer T-Zell-Population, was zu einer weiter verstärkten T-Zell-Aktivität führt (Gajewski et al., *J. Immunol.* 154:5637-5648 (1995)).

Eine vollständige Aktivierung von cytotoxischen T-Lymphozyten und eine vollständige Effektorfunktion erfordert eine Mitwirkung von T-Helferzellen durch die Interaktion zwischen dem CD40-Liganden auf den T-Helferzellen und dem CD40-Molekül, das von dendritischen Zellen exprimiert wird (Ridge et al., *Nature* 393:474 (1998), Bennett et al., *Nature* 393:478 (1998), Schönberger et al., *Nature* 393:480 (1998)). Der Mechanismus dieses co-stimulierenden Signals betrifft wahrscheinlich die Steigerung der B7- und assoziierten IL-6/IL-12-Produktion durch die dendritischen Zellen (Antigen-präsentierenden Zellen). Die CD40-CD40L-Interaktion komplementiert so die Interaktionen des Signals 1 (Antigen/MHC-TCR) und des Signals 2 (B7-CD28).

Die Verwendung von anti-CD40-Antikörpern für eine Stimulierung von dendritischen Zellen würde erwartungsgemäß direkt eine Reaktion gegenüber Tumor-Antigenen verstärken, die normalerweise außerhalb des Bereichs einer entzündlichen Reaktion liegen oder von nicht-professionellen Antigen-präsentierenden Zellen (Tumorzellen) präsentiert werden. In diesen Situationen werden T-Helfer- und B7-co-stimulierende Signale nicht bereitgestellt. Dieser Mechanismus könnte im Zusammenhang mit Therapien verwendet werden, die auf Antigen-gepulsten dendritischen Zellen basieren, oder in Situationen, bei denen T-Helfer-Epitope nicht in bekannten TRA-Vorläufern definiert wurden.

Erfindungsgemäß vorgesehen ist auch eine Verabreichung von Nukleinsäuren, Polypeptiden oder Peptiden. Eine Verabreichung von Polypeptiden und Peptiden kann in an sich bekannter Weise erfolgen. In einer Ausführungsform erfolgt die Verabreichung von Nukleinsäuren durch *ex vivo*-Verfahren, d.h. durch Entfernung von Zellen aus einem Patienten, genetische Veränderung der Zellen, um ein Tumor-assoziiertes Antigen einzubauen, und Wiedereinbringung der veränderten Zellen in den Patienten. Dies umfasst im Allgemeinen das Einbringen einer funktionellen Kopie eines Gens in die Zellen eines Patienten *in vitro* und die

Rückführung der genetisch veränderten Zellen in den Patienten. Die funktionelle Kopie des Gens steht unter funktioneller Kontrolle von regulatorischen Elementen, die eine Expression des Gens in den genetisch veränderten Zellen erlauben. Transfektions- und Transduktionsverfahren sind dem Fachmann bekannt. Erfindungsgemäß vorgesehen ist auch eine Verabreichung von Nukleinsäuren *in vivo* durch die Verwendung von Vektoren wie Viren und zielgesteuerten Liposomen.

In einer bevorzugten Ausführungsform ist ein viraler Vektor für die Verabreichung einer Nukleinsäure, die für ein Tumor-assoziiertes Antigen kodiert, aus der Gruppe ausgewählt bestehend aus Adenoviren, Adeno-assoziierten Viren, Poxviren, einschließlich Vacciniavirus und attenuierten Poxviren, Semliki-Forest-Virus, Retroviren, Sindbis-Virus und Ty-Virus-ähnlichen Partikeln. Besonders bevorzugt sind Adenoviren und Retroviren. Die Retroviren sind üblicherweise replikationsdefizient (d.h. sie sind unfähig, infektiöse Partikel zu erzeugen).

Verschiedene Verfahren können eingesetzt werden, um erfindungsgemäß Nukleinsäuren in Zellen *in vitro* oder *in vivo* einzubringen. Solche Verfahren umfassen die Transfektion von Nukleinsäure-Kalziumphosphat-Präzipitaten, die Transfektion von Nukleinsäuren, die mit DEAE assoziiert sind, die Transfektion oder Infektion mit den vorstehenden Viren, die die interessierenden Nukleinsäuren tragen, die Liposomen-vermittelte Transfektion und ähnliches. In bestimmten Ausführungsformen ist eine Steuerung der Nukleinsäure an bestimmte Zellen bevorzugt. In solchen Ausführungsformen kann ein Träger, der für die Verabreichung einer Nukleinsäure an eine Zelle (z.B. ein Retrovirus oder ein Liposom) eingesetzt wird, ein gebundenes Zielsteuerungsmolekül aufweisen. Zum Beispiel kann ein Molekül wie ein Antikörper, der für ein Oberflächenmembran-Protein auf der Zielzelle spezifisch ist, oder ein Ligand für einen Rezeptor auf der Zielzelle in den Nukleinsäureträger eingebaut oder daran gebunden werden. Bevorzugte Antikörper umfassen Antikörper, die selektiv ein Tumor-assoziiertes Antigen binden. Falls eine Verabreichung einer Nukleinsäure durch Liposomen erwünscht ist, können Proteine, die an ein Oberflächenmembran-Protein binden, das mit der Endozytose assoziiert ist, in die Liposomenformulierung eingebaut werden, um eine Zielsteuerung und/oder Aufnahme zu ermöglichen. Solche Proteine umfassen Kapsid-Proteine oder Fragmente davon, die für einen bestimmten Zelltyp spezifisch sind, Antikörper gegen Proteine, die internalisiert werden, Proteine, die eine intrazelluläre Stelle ansteuern, und ähnliches.

Die erfindungsgemäßen therapeutischen Zusammensetzungen können in pharmazeutisch verträglichen Zubereitungen verabreicht werden. Solche Zubereitungen können gewöhnlich pharmazeutisch verträgliche Konzentrationen von Salzen, Pufferstoffen, Konservierungsstoffen, Trägern, ergänzenden immunitätssteigernden Stoffen wie Adjuvanzen (z.B. CpG-Oligonukleotide) und Zytokine und gegebenenfalls andere therapeutische Wirkstoffe enthalten.

Die erfindungsgemäßen therapeutischen Wirkstoffe können auf jedem herkömmlichen Weg verabreicht werden, einschließlich durch Injektion oder durch Infusion. Die Verabreichung kann beispielsweise oral, intravenös, intraperitoneal, intramuskulär, subkutan oder transdermal erfolgen. Eine therapeutische Verabreichung von Antikörpern erfolgt vorzugsweise durch ein Lungenaerosol. Die Verabreichung von Antisense-Nukleinsäuren erfolgt vorzugsweise durch langsame intravenöse Verabreichung.

Die erfindungsgemäßen Zusammensetzungen werden in wirksamen Mengen verabreicht. Eine „wirksame Menge“ betrifft die Menge, die alleine oder zusammen mit weiteren Dosen eine gewünschte Reaktion oder eine gewünschte Wirkung erzielt. Im Fall einer Behandlung einer bestimmten Erkrankung oder eines bestimmten Zustands, der sich durch die Expression eines oder mehrerer Tumor-assoziiierter Antigene auszeichnet, betrifft die gewünschte Reaktion die Hemmung des Krankheitsverlaufs. Dies umfasst die Verlangsamung des Fortschreitens der Erkrankung und insbesondere eine Unterbrechung des Fortschreitens der Erkrankung. Die gewünschte Reaktion bei einer Behandlung einer Erkrankung oder eines Zustands kann auch die Verzögerung des Ausbruchs oder eine Verhinderung des Ausbruchs der Erkrankung oder des Zustands sein.

Eine wirksame Menge einer erfindungsgemäßen Zusammensetzung wird von dem zu behandelnden Zustand, der Schwere der Krankheit, den individuellen Parametern des Patienten, einschließlich Alter, physiologischer Zustand, Größe und Gewicht, der Dauer der Behandlung, der Art einer begleitenden Therapie (falls vorhanden), dem spezifischen Verabreichungsweg und ähnlichen Faktoren abhängen.

Die erfindungsgemäßen pharmazeutischen Zusammensetzungen sind vorzugsweise steril und enthalten eine wirksame Menge der therapeutisch wirksamen Substanz für die Erzeugung der gewünschten Reaktion oder der gewünschten Wirkung.

5 Die Dosen der erfindungsgemäßen Zusammensetzungen, die verabreicht werden, können von verschiedenen Parametern wie der Verabreichungsart, dem Zustand des Patienten, dem gewünschten Verabreichungszeitraum, usw. abhängen. Für den Fall, dass eine Reaktion bei einem Patienten bei einer anfänglichen Dosis unzureichend ist, können höhere Dosen (oder effektiv höhere Dosen, die durch einen anderen, stärker lokalisierten Verabreichungsweg
10 erzielt werden) eingesetzt werden.

Im Allgemeinen werden für eine Behandlung oder für eine Erzeugung oder Erhöhung einer Immunreaktion Dosen des Tumor-assoziierten Antigens von 1 ng bis 1 mg, vorzugsweise von 10 ng bis 100 µg formuliert und verabreicht. Falls die Verabreichung von Nukleinsäuren
15 (DNA sowie RNA), die für Tumor-assoziierte Antigene kodieren, erwünscht ist, werden Dosen von 1 ng bis 0,1 mg formuliert und verabreicht.

Die erfindungsgemäßen pharmazeutischen Zusammensetzungen werden im Allgemeinen in pharmazeutisch verträglichen Mengen und in pharmazeutisch verträglichen
20 Zusammensetzungen verabreicht. Der Begriff „pharmazeutisch verträglich“ betrifft ein nicht-toxisches Material, das nicht mit der Wirkung des aktiven Bestandteils der pharmazeutischen Zusammensetzung wechselwirkt. Solche Zubereitungen können gewöhnlich Salze, Pufferstoffe, Konservierungsstoffe, Träger und gegebenenfalls andere therapeutische Wirkstoffe enthalten. Bei einer Verwendung in der Medizin sollten die Salze pharmazeutisch
25 verträglich sein. Nicht-pharmazeutisch verträgliche Salze können jedoch für die Herstellung pharmazeutisch verträglicher Salze davon verwendet werden und sind erfindungsgemäß umfasst. Solche pharmakologisch und pharmazeutisch verträglichen Salze umfassen in nicht begrenzender Weise diejenigen, die aus den nachstehenden Säuren hergestellt werden: Chlorwasserstoff-, Bromwasserstoff-, Schwefel-, Salpeter-, Phosphor-, Malein-, Essig-,
30 Salicyl-, Citronen-, Ameisen-, Malon-, Bernsteinsäure und ähnliches. Pharmazeutisch verträgliche Salze können auch als Alkalimetall- oder Erdalkalimetallsalze wie Natrium-, Kalium- oder Calciumsalze hergestellt werden.

Eine erfindungsgemäße pharmazeutische Zusammensetzung kann einen pharmazeutisch verträglichen Träger umfassen. Der Begriff „pharmazeutisch verträglicher Träger“ betrifft erfindungsgemäß einen oder mehrere kompatible feste oder flüssige Füllstoffe, Verdünnungsmittel oder Kapselsubstanzen, die für eine Verabreichung an einen Menschen geeignet sind. Der Begriff „Träger“ betrifft einen organischen oder anorganischen Bestandteil, natürlicher oder synthetischer Natur, in dem der aktive Bestandteil kombiniert wird, um eine Anwendung zu erleichtern. Die Bestandteile der erfindungsgemäßen pharmazeutischen Zusammensetzung sind gewöhnlich derart, dass keine Interaktion auftritt, die die gewünschte pharmazeutische Wirksamkeit wesentlich beeinträchtigt.

10

Die erfindungsgemäßen pharmazeutischen Zusammensetzungen können geeignete Pufferstoffe wie Essigsäure in einem Salz, Citronensäure in einem Salz, Borsäure in einem Salz und Phosphorsäure in einem Salz enthalten.

15 Die pharmazeutischen Zusammensetzungen können auch gegebenenfalls geeignete Konservierungsmittel wie Benzalkoniumchlorid, Chlorbutanol, Parabene und Thimerosal enthalten.

Die pharmazeutischen Zusammensetzungen werden gewöhnlich in einer einheitlichen Dosisform dargeboten und können in an sich bekannter Weise hergestellt werden. Erfindungsgemäße pharmazeutische Zusammensetzungen können beispielsweise in Form von Kapseln, Tabletten, Lutschpastillen, Lösungen, Suspensionen, Sirupen, Elixieren oder als Emulsion vorliegen.

25 Zusammensetzungen, die für eine parenterale Verabreichung geeignet sind, umfassen gewöhnlich eine sterile wässrige oder nicht-wässrige Zubereitung des Wirkstoffs, die vorzugsweise mit dem Blut des Empfängers isotonisch ist. Verträgliche Träger und Lösungsmittel sind beispielsweise Ringer-Lösung und isotonische Natriumchloridlösung. Zusätzlich werden gewöhnlich sterile, fixierte Öle als Lösungs- oder Suspensionsmedium eingesetzt.

30

Die vorliegende Erfindung wird durch die nachstehenden Beispiele ausführlich beschrieben, die ausschließlich der Erläuterung dienen und nicht begrenzend zu verstehen sind. Dem

Fachmann sind aufgrund der Beschreibung und der Beispiele weitere Ausführungsformen zugänglich, die ebenfalls erfindungsgemäß umfasst sind.

5 Beispiele:

Material und Methoden

Die Begriffe „*in silico*“, und „elektronisch“ beziehen sich rein auf die Nutzung von auf
10 Datenbanken beruhenden Verfahren, mit denen auch Labor-experimentelle Vorgänge simuliert werden können.

Alle anderen Begriffe und Termini sind, falls nicht explizit anders definiert, so verwendet,
wie sie der Fachmann versteht. Die genannten Techniken und Verfahren erfolgen in an sich
15 bekannter Weise und sind z.B. in Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual,
2. Auflage (1989), Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y.
beschrieben. Alle Verfahren, die die Verwendung von Kits und Reagenzien einschließen, sind
entsprechend den Angaben der Hersteller durchgeführt.

20 Beispiel 1:

Datamining-basierte Strategie zur Identifizierung von Tumor-assoziierten Antigenen

Erfindungsgemäß wurden öffentliche humane Protein- und Nukleinsäuredatenbanken im
Hinblick auf krebsspezifische Antigene untersucht, die auf der Zelloberfläche zugänglich
25 sind. Die Definition der dafür notwendigen Filterkriterien zusammen mit einer
Hochdurchsatz-Methodik zur Analyse möglichst aller Proteine bildeten den zentralen
Bestandteil dieser Strategie.

Den Ausgangspunkt bildeten die hauptsächlich aus dem humanen Genomprojekt
30 vorhergesagten potenziellen Gene, die in der „RefSeq“ Datenbank (Pruitt et al.,
Trends Genet. Jan;16(1):44-47, 2000) des „National Center for Biotechnology Information“
(NCBI) als rein modellhafte Protein- (XP-) bzw. mRNA-Einträge (XM-) abgelegt sind. In
einem weiteren Ansatz wurden auch die validierten Proteineinträge (NP-) bzw. die
korrespondierenden mRNAs (NM-) derselben Datenbank in gleicher Weise analysiert. Dem

Grundprinzip (hypothetisches) Gen zu mRNA zu Protein folgend wurden die Proteine zunächst auf das Vorhandensein einer oder mehrerer Transmembrandomänen hin untersucht. Hierbei kam das Proteinanalyseprogramm TMHMM Server v. 2.0 (Krogh et al., *Journal of Molecular Biology* 305(3):567-580, 2001) zum Einsatz, dessen Ergebnisse anschließend noch
 5 einmal mit dem Programm ALOM 2 (Nakai et al., *Genomics* 14:897-911, 1992) verifiziert wurden. Die Prädiktion weiterer Signalsequenzen, die die intrazelluläre Lokalisation von Proteinen beeinflussen, wurde mit den Programmen PSORT II (Horton et al., *Intelligent Systems for Molecular Biology* 4: 109-115, 1996) und iPSORT (Bannai et al., *Bioinformatics*,
 10 18(2) 298-305, 2002) durchgeführt. Aus der humanen XP-Fraktion der „RefSeq“ Datenbank wurden insgesamt 19.544 Einträge analysiert, wobei 2.025 hypothetische Proteine den Filterkriterien genügten. Die humane NP-Fraktion lieferte insgesamt 19.110 Einträge mit einem Anteil von 4.634 gefilterten Proteinen.

Die korrespondierende mRNA jedes dieser 2.025 bzw. 4.634 Proteine wurde anschließend
 15 einer Homologiesuche in der EST-Datenbank (Boguski et al., *Nat. Genet.* 4(4):332-333, 1993) des NCBI mit Hilfe des „BLAST“ Algorithmus (Altschul et al., *Nucleic Acids Res.* 25:3389-3402, 1997) unterzogen. Die Filterkriterien wurden bei dieser Suche mit einem e-Value < 10e-20 und einer minimalen Sequenzidentität von 93% so eingestellt, dass die daraus resultierenden Treffer mit sehr hoher Wahrscheinlichkeit nur aus der jeweiligen
 20 mRNA und nicht aus homologen Transkripten hervorgegangen sein können. Insgesamt 1.270 hypothetische mRNAs erzielten dabei mindestens einen Treffer in der EST-Datenbank, wobei die Anzahl der Treffer in Einzelfällen mehr als 1.000 betrug.

Für jeden Einzelnen dieser validen Treffer wurde anschließend die gewebsspezifische
 25 Herkunft der zugrunde liegenden cDNA Bibliothek sowie der Name der Bibliothek ermittelt. Die daraus resultierenden Gewebe wurden in vier verschiedene Gruppen eingeteilt, die von dispensiblen Organen (Gruppe 3) bis hin zu absolut lebensnotwendigen Organen reichten (Gruppe 0). Eine weitere Gruppe 4 bildeten alle Proben, die aus Krebsgewebe gewonnen wurden. Die Verteilung der Treffer auf die fünf Gruppen wurde in einer Tabelle festgehalten,
 30 die nach dem besten Verhältnis der Summe der Gruppen 3 und 4 gegenüber der Summe der Gruppen 0-2 sortiert wurde. Dabei erreichten diejenigen mRNAs einen Spitzenplatz, deren EST Treffer ausschließlich Krebsgewebe entstammten, gefolgt von denjenigen, die darüber hinaus noch in Geweben dispensibler Organe der Gruppe 3 zu finden sind. Ein weiteres Kriterium für die Aussagekraft dieser Verteilung bildete die Anzahl der unabhängigen cDNA-

Bibliotheken, aus denen die ESTs gewonnen wurden und die in einer eigenen Spalte in der Tabelle festgehalten wurde.

Da es sich bei den im ersten Ansatz ermittelten Transkripten und den korrespondierenden Proteinen zunächst um hypothetische Konstrukte handelt, wurden noch weitere Filterkriterien hinzugezogen, die die reale Existenz der mRNAs und damit auch der Proteine belegen sollten. Dazu wurde jede mRNA mit Hilfe des Programmes „Spidey“ (Wheelan et al., *Genome Res.* 11(11):1952-1957, 2001) mit dem vorhergesagten Genlocus verglichen. Nur diejenigen Transkripte, die mindestens einen Spleißvorgang aufweisen, d.h. die sich auf mindestens 2 Exons verteilen, wurden für weitergehende Analysen verwendet.

Die sequenzielle Anwendung aller genannten Filter führte zu den erfindungsgemäßen Tumor-assoziierten Antigenen, die aufgrund einer vorhergesagten Transmembrandomäne und der damit verbundenen Topologie als von extrazellulär zugänglich anzusehen sind. Das aus den EST-Daten abgeleitete Expressionsprofil weist in allen Fällen auf eine krebsspezifische Expression hin, die sich höchstens noch auf dispensible Organe erstrecken kann.

Beispiel 2:

Validierungsstrategie der durch *in silico* Analyse identifizierten Tumor-assoziierten Antigene

Zur Nutzung der Targets für immuntherapeutische Zwecke (Antikörpertherapie mittels monoklonaler Antikörper, Vakzinierung, T-Zell Rezeptor-vermittelte therapeutische Ansätze; vgl. EP-B-0 879 282) bei der Krebstherapie sowie für diagnostische Fragestellungen ist die Validierung der erfindungsgemäß identifizierten Targets von zentraler Bedeutung. Die Validierung erfolgt dabei durch Expressionsanalyse sowohl auf RNA als auch auf Proteinebene.

1. Untersuchung der RNA Expression

Die erste Validierung der identifizierten Tumorantigene erfolgt mit Hilfe von RNA, die aus verschiedenen Geweben bzw. aus gewebespezifischen Zelllinien gewonnen wird. Weil das differentielle Expressionsmuster aus gesundem Gewebe im Vergleich zu Tumorgewebe eine

entscheidende Bedeutung für die spätere therapeutische Anwendung hat, erfolgt die Charakterisierung der Zielgene bevorzugt mit Hilfe dieser Gewebeproben.

Die Isolierung von Gesamt-RNA aus nativen Gewebeproben oder aus Tumorzelllinien erfolgt mit Verfahren, die in der Molekularbiologie Standard sind. Zum Beispiel kann die Isolierung mit Hilfe des RNeasy Maxi Kits (Qiagen, Kat. Nr. 75162) nach Vorschrift durch den Hersteller erfolgen. Dieses Isolierungsverfahren beruht auf der Verwendung von Guanidiniumisothiocyanat als chaotropes Reagenz. Alternativ kann die Isolierung mit saurem Phenol durchgeführt werden (Chomczynski & Sacchi, Anal. Biochem. 162: 156-159, 1987). Nach Aufarbeitung des Gewebes mittels Guanidiniumisothiocyanat wird die RNA mit saurem Phenol extrahiert, anschließend die RNA mit Isopropanol gefällt und in DEPC-behandeltes Wasser aufgenommen.

2-4 µg der so isolierten RNA werden anschließend z.B. mittels Superscript II (Invitrogen) entsprechend dem Protokoll des Herstellers in cDNA umgeschrieben. Das Priming der cDNA Synthese erfolgt dabei mit Hilfe von zufälligen Hexameren (z.B. Roche Diagnostics) nach Standardprotokollen des jeweiligen Herstellers. Zur Qualitätskontrolle werden die cDNAs mit Primern in 30 Zyklen amplifiziert, die spezifisch für das nur gering exprimierte p53 Gen sind. Nur p53 positive cDNA Proben werden für die weiteren Reaktionsschritte verwendet.

Zur detaillierten Targetanalyse wird auf Basis eines cDNA-Archivs, das aus verschiedenen Normal- und Tumorgeweben sowie aus Tumorzelllinien isoliert wurde, eine Expressionsanalyse mittels PCR bzw. quantitativer PCR (qPCR) durchgeführt. Dazu werden 0,5 µl cDNA aus dem obigen Ansatz mit einer DNA-Polymerase (z.B. 1 U HotStarTaq DNA-Polymerase, Qiagen) analog den Protokollen des jeweiligen Herstellers amplifiziert (Gesamtvolumen des Ansatzes: 25-50 µl). Neben der Polymerase enthält der Amplifikationsansatz 0,3 mM dNTPs, Reaktionsbuffer (Endkonzentration 1 x, abhängig vom Hersteller der DNA-Polymerase) und je 0,3 mM des targetspezifischen forward und reverse Primers.

Die spezifischen Primer des Zielgens werden, soweit möglich, so ausgewählt, dass sie in zwei unterschiedlichen Exons liegen und somit genomische Kontaminationen nicht zu falsch positiven Ergebnissen führen. Bei einer nicht quantitativen Endpunkt-PCR wird die cDNA typischerweise 15 Minuten bei 95°C inkubiert, um die DNA zu denaturieren und um das Hot-

Start-Enzyms zu aktivieren. Anschließend wird die DNA in 35 Zyklen amplifiziert (1 min 95°C, 1 min Primer spezifische Hybridisierungstemperatur (ca. 55-65°C), 1 min 72°C zur Elongation der Amplifikate). 10 µl des PCR Ansatzes werden anschließend auf Agarosegelen aufgetragen und im elektrischen Feld aufgetrennt. Durch Färben mit Ethidiumbromid wird die DNA in den Gelen sichtbar gemacht und das Ergebnis der PCR durch ein Foto dokumentiert.

Alternativ zur konventionellen PCR kann die Expressionsanalyse eines Zielgens auch durch quantitative real time PCR erfolgen. Zu dieser Analyse sind inzwischen verschiedene Analysesysteme erhältlich, die bekanntesten sind das ABI PRISM Sequence detection system (TaqMan, Applied Biosystems), der iCycler (Biorad) sowie der Light cycler (Roche Diagnostics). Wie oben beschrieben wird ein spezifischer PCR Ansatz einem Lauf in den real time Geräten unterzogen. Durch Zusatz eines DNA interkalierenden Farbstoffes (z.B. Ethidiumbromid, CybrGreen) wird die neu synthetisierte DNA durch spezifische Lichtanregung (nach Angaben der Farbstoffhersteller) sichtbar gemacht. Durch eine Vielzahl von Messpunkten während der Amplifikation kann der gesamte Prozess verfolgt und eine quantitative Bestimmung der Nukleinsäurekonzentration des Zielgens durchgeführt werden. Die Normalisierung des PCR Ansatzes erfolgt durch Messung eines „housekeeping Gens“ (z.B. 18S RNA, β -Actin). Alternative Strategien über Fluoreszenz-markierte DNA-Sonden erlauben ebenfalls die quantitative Bestimmung des Zielgens aus einer spezifischen Gewebeprobe (siehe TaqMan Applikationen der Fa. Applied Biosystems).

2. Klonierung

Die Klonierung des gesamten Zielgens, die für die weitere Charakterisierung des Tumorantigens notwendig ist, erfolgt nach gängigen molekularbiologischen Verfahren (z.B. in „Current Protocols in Molecular Biology“, John Wiley & Sons Ltd., Wiley InterScience). Zur Klonierung bzw. Sequenzanalyse des Zielgens wird dieses zunächst mit einer DNA-Polymerase mit „proof reading Funktion“ (z.B. pfu, Roche Diagnostics) amplifiziert. Das Amplifikat wird anschließend mit Standardverfahren in einen Klonierungsvektor ligiert. Positive Klone werden durch Sequenzanalyse identifiziert und anschließend mit Hilfe von Prädiktionsprogrammen und bekannten Algorithmen charakterisiert.

3. Gewinnung von Antikörpern

Die Charakterisierung der erfindungsgemäß identifizierten Tumor-assoziierten Antigene erfolgt beispielsweise durch die Verwendung von Antikörpern. Ferner umfasst die Erfindung die diagnostische oder therapeutische Verwendung von Antikörpern. Dabei können Antikörper Proteine in nativem und/oder denaturierten Zustand erkennen (Anderson et al., *J. Immunol.* 143: 1899-1904, 1989; Gardsvoll, *J. Immunol. Methods* 234: 107-116, 2000; Kayyem et al., *Eur. J. Biochem.* 208: 1-8, 1992; Spiller et al., *J. Immunol. Methods* 224: 51-60, 1999).

Antiseren, die spezifische Antikörper enthalten, die an das Zielprotein spezifisch binden, können über verschiedene Standardverfahren hergestellt werden; vgl. beispielsweise „Monoclonal Antibodies: A Practical Approach“ von Philip Shepherd, Christopher Dean ISBN 0-19-963722-9, „Antibodies: A Laboratory Manual“ von Ed Harlow, David Lane ISBN: 0879693142 und „Using Antibodies: A Laboratory Manual: Portable Protocol NO“ von Edward Harlow, David Lane, Ed Harlow ISBN: 0879695447. Dabei ist auch möglich, affine und spezifische Antikörper zu generieren, die komplexe Membranproteine in ihrer nativen Form erkennen (Azorsa et al., *J. Immunol. Methods* 229: 35-48, 1999; Anderson et al., *J. Immunol.* 143: 1899-1904, 1989; Gardsvoll, *J. Immunol. Methods* 234: 107-116, 2000). Dies ist vor allem für die Herstellung von Antikörpern von Bedeutung, die therapeutisch eingesetzt werden sollen, aber auch für viele diagnostische Anwendungen. Dazu kann sowohl mit dem gesamten Protein als auch mit extrazellulären Teilsequenzen immunisiert werden.

Immunisierung und Gewinnung von polyklonalen Antikörpern

Eine Spezies (z.B. Kaninchen, Mäuse) wird durch eine erste Injektion des gewünschten Zielproteins immunisiert. Durch eine zweite oder dritte Immunisierung innerhalb eines definierten Zeitraums (ca. 2-4 Wochen nach der letzten Immunisierung) lässt sich die Immunantwort des Tieres gegen das Immunogen verstärken. Wiederum nach verschiedenen definierten Zeitabständen (1. Blutung nach 4 Wochen, anschließend alle 2-3 Wochen bis zu 5 Entnahmen) wird den Tieren Blut entnommen und Immunsereum gewonnen. Die so entnommenen Immunsereen enthalten polyklonale Antikörper, mit denen das Zielprotein im Western blot, durch die Durchflusszytometrie, Immunfluoreszenz oder Immunhistochemie nachgewiesen und charakterisiert werden kann.

Die Immunisierung der Tiere erfolgt in der Regel über eines von vier gut etablierten Verfahren, wobei auch andere Verfahren existieren. Immunisiert werden kann dabei mit für das Zielprotein spezifischen Peptiden, dem gesamten Protein, mit extrazellulären Teilsequenzen eines Proteins, das experimentell oder über Prädiktionsprogramme identifiziert werden kann. Da die Prädiktionsprogramme nicht immer fehlerfrei arbeiten wird u.U. auch mit zwei Domänen gearbeitet, die voneinander durch eine Transmembrandomäne getrennt sind. Eine der beiden Domänen muss dann extrazellulär sein, was dann experimentell belegt werden kann (siehe nachstehend).

(1) Im ersten Fall werden Peptide (Länge: 8-12 Aminosäuren) über *in vitro* Verfahren synthetisiert (durch einen kommerziellen Service möglich) und diese Peptide zur Immunisierung verwendet. In der Regel erfolgen 3 Immunisierungen (z.B. mit einer Konzentration von 5-100 µg/Immunisierung). Die Durchführung der Immunisierung kann auch als Service von Dienstleistern erfolgen.

(2) Alternativ kann die Immunisierung durch rekombinante Proteine erfolgen. Dazu wird die klonierte DNA des Zielgens in einen Expressionsvektor kloniert und das Zielprotein analog den Bedingungen des jeweiligen Herstellers (z.B. Roche Diagnostics, Invitrogen, Clontech, Qiagen) z.B. zellfrei *in vitro*, in Bakterien (z.B. *E. coli*), in Hefe (z.B. *S. pombe*), in Insektenzellen oder in Säugetierzellen synthetisiert. Dabei ist auch die Synthese des Zielproteins mit Hilfe von viralen Expressionssystemen möglich (z.B. Baculovirus, Vacciniavirus, Adenovirus). Nach Synthese in einem der Systeme wird das Zielprotein aufgereinigt. Die Aufreinigung erfolgt dabei in der Regel über chromatographische Verfahren. Dabei können auch Proteine für die Immunisierung verwendet werden, die über einen molekularen Anker als Hilfsmittel zur Reinigung verfügen (z.B. His-Tag, Qiagen; FLAG-Tag, Roche Diagnostics; GST-Fusionsproteine). Eine Vielzahl von Protokollen befinden sich z.B. in den „Current Protocols in Molecular Biology“, John Wiley & Sons Ltd., Wiley InterScience. Nach Reinigung des Zielproteins erfolgt eine Immunisierung wie vorstehend beschrieben.

(3) Falls eine Zelllinie zur Verfügung steht, die das gewünschte Protein endogen synthetisiert, kann auch diese Zelllinie direkt zur Herstellung des spezifischen

Antiserums verwendet werden. Die Immunisierung erfolgt dabei in 1-3 Injektionen mit jeweils ca. $1-5 \times 10^7$ Zellen.

- (4) Die Immunisierung kann auch durch Injektion von DNA (DNA-Immunisierung) erfolgen. Dazu wird das Zielgen zunächst in einen Expressionsvektor kloniert, so dass die Zielsequenz unter der Kontrolle eines starken eukaryontischen Promotors steht (z.B. CMV-Promotor). Anschließend wird DNA (z.B. 1-10 µg pro Injektion) als Immunogen mit einer „gene gun“ in stark durchblutete, kapillare Bereiche eines Organismus transferiert (z.B. Maus, Kaninchen). Die transferierte DNA wird von Zellen des Tieres aufgenommen, das Zielgen wird exprimiert und das Tier entwickelt schließlich eine Immunantwort gegen das Zielprotein (Jung et al., *Mol. Cells* 12: 41-49, 2001; Kasinrer et al., *Hybrid Hybridomics* 21: 287-293, 2002).

Gewinnung monoklonaler Antikörper

Monoklonale Antikörper werden traditionell mit Hilfe der Hybridoma Technologie hergestellt (Technische Details: siehe „Monoclonal Antibodies: A Practical Approach“ von Philip Shepherd, Christopher Dean ISBN 0-19-963722-9; „Antibodies: A Laboratory Manual“ von Ed Harlow, David Lane ISBN: 0879693142, „Using Antibodies: A Laboratory Manual: Portable Protocol NO“ von Edward Harlow, David Lane, Ed Harlow ISBN: 0879695447). Als ein neues Verfahren wird auch die so genannte „SLAM“ Technologie eingesetzt. Hierbei werden B-Zellen aus Vollblut isoliert und die Zellen monoklonalisiert. Anschließend wird der Überstand der vereinzelter B-Zelle auf ihre Antikörperspezifität hin analysiert. Im Gegensatz zur Hybridomatechnologie wird anschließend die variable Region des Antikörpergens durch eine Einzelzell-PCR amplifiziert und in einen geeigneten Vektor kloniert. Auf diese Art und Weise wird die Gewinnung von monoklonalen Antikörpern beschleunigt (de Wildt et al. J. Immunol. Methods 207:61-67, 1997).

4. Validierung der Targets mit proteinchemischen Verfahren unter Verwendung von Antikörpern

Mit den Antikörpern, die wie vorstehend beschrieben herstellbar sind, lassen sich eine Reihe von wichtigen Aussagen zu dem Targetprotein treffen. Im Einzelnen sind die nachstehenden Analysen zur Validierung des Zielproteins sinnvoll:

Spezifität des Antikörpers

Um zu zeigen, dass ein Antikörper spezifisch nur an das gewünschte Zielprotein bindet, eignen sich am besten auf Zellkultur-basierende Tests mit anschließendem Western blot (verschiedene Variationen sind z.B. in „Current Protocols in Proteinchemistry“, John Wiley & Sons Ltd., Wiley InterScience, beschrieben). Für den Nachweis werden Zellen mit einer cDNA für das Zielprotein transfiziert, die unter Kontrolle eines starken eukaryontischen Promotors steht (z.B. Cytomegalievirus-Promotor; CMV). Zur Transfektion von Zelllinien mit DNA sind die verschiedensten Verfahren (z.B. Elektroporation, auf Liposomen basierende Transfektion, Kalziumphosphatpräzipitation) gut etabliert (z.B. Lemoine et al., *Methods Mol. Biol.* 75: 441-7, 1997). Alternativ können auch Zelllinien verwendet werden, die das Zielgen endogen exprimieren (Nachweis über Zielgen-spezifische RT-PCR). Zur Kontrolle werden im Experiment im Idealfall homologe Gene mit transfiziert, um im folgenden Western blot die Spezifität des analysierten Antikörpers nachweisen zu können.

Im anschließenden Western blot werden Zellen aus Zellkultur oder Gewebeproben, die das Zielprotein enthalten könnten, in einer 1%igen SDS Lösung lysiert und die Proteine dabei denaturiert. Die Lysate werden auf 8-15%igen denaturierenden Polyacrylamidgelen (enthalten 1% SDS) der Größe nach elektrophoretisch aufgetrennt (SDS-Polyacrylamid Gelelektrophorese, SDS-PAGE). Anschließend werden die Proteine durch eines von mehreren Blotting Verfahren (z.B. semi-dry Elektroblood; Biorad) auf eine spezifische Membran transferiert (z.B. Nitrozellulose, Schleicher & Schüll). Auf dieser Membran kann das gewünschte Protein sichtbar gemacht werden. Dazu wird die Membran zunächst mit dem Antikörper, der das Zielprotein erkennt (Verdünnung ca. 1:20-1:200, je nach Spezifität des Antikörpers), für 60 Minuten inkubiert. Nach einem Waschschrift wird die Membran mit einem zweiten, mit einem Marker (z.B. Enzyme wie Peroxidase oder alkalische Phosphatase) gekoppelten Antikörper inkubiert, der den ersten Antikörper erkennt. In einer Farb- oder chemilumineszenten Reaktion kann anschließend das Zielprotein auf der Membran sichtbar gemacht werden (z.B. ECL, Amersham Bioscience). Ein Antikörper mit einer hohen Spezifität für das Zielprotein sollte im Idealfall nur das gewünschte Protein selbst erkennen.

Lokalisation des Zielproteins

Zur Bestätigung der im in silico Ansatz identifizierten Membranlokalisation des Zielproteins werden verschiedene Verfahren verwendet. Ein wichtiges und gut etabliertes Verfahren unter Verwendung der vorstehend beschriebenen Antikörper ist die Immunfluoreszenz (IF). Dazu

werden Zellen etablierter Zelllinien benutzt, die entweder das Zielprotein synthetisieren (Nachweis der RNA in der RT-PCR oder des Proteins im Western blot) oder aber mit Plasmid-DNA transfiziert worden sind. Zur Transfektion von Zelllinien mit DNA sind die verschiedensten Verfahren (z.B. Elektroporation, auf Liposomen basierende Transfektion, Kalziumphosphatpräzipitation) gut etabliert (z.B. Lemoine et al., *Methods Mol. Biol.* 75: 441-7, 1997). Das in die Zellen transfizierte Plasmid kann bei der Immunfluoreszenz das unmodifizierte Protein kodieren oder aber auch unterschiedliche Aminosäuremarker an das Zielprotein koppeln. Die wichtigsten Marker sind z.B. das fluoreszierende „green fluorescent protein“ (GFP) in seinen verschiedenen differentiell fluoreszierenden Formen, kurze Peptidsequenzen von 6-12 Aminosäuren, für die hoch affine und spezifische Antikörper zur Verfügung stehen, oder die kurze Aminosäuresequenz Cys-Cys-X-X-Cys-Cys, die über ihre Cysteine spezifische fluoreszierende Substanzen binden kann (Invitrogen). Zellen, die das Zielprotein synthetisieren, werden z.B. mit Paraformaldehyd oder Methanol fixiert. Anschließend können die Zellen bei Bedarf durch Inkubation mit Detergenzien (z.B. 0,2% Triton X-100) permeabilisiert werden. Anschließend werden die Zellen mit einem primären Antikörper inkubiert, der gegen das Zielprotein oder gegen einen der gekoppelten Marker gerichtet ist. Nach einem Waschschrift wird der Ansatz mit einem zweiten, mit einem fluoreszierenden Marker (z.B. Fluorescein, Texas Red, Dako) gekoppelten Antikörper inkubiert, der an den ersten Antikörper bindet. Anschließend werden die so markierten Zellen mit Glycerin überschichtet und mit Hilfe eines Fluoreszenzmikroskops nach den Angaben des Herstellers analysiert. Spezifische Fluoreszenzemissionen werden dabei, abhängig von den eingesetzten Substanzen, durch spezifische Anregung erreicht. Die Analyse erlaubt in der Regel die sichere Lokalisation des Zielproteins, wobei zur Bestätigung der Antikörperqualität und des Zielproteins in Doppelfärbungen zusätzlich zum Zielprotein auch die gekoppelten Aminosäuremarker oder andere Markerproteine angefärbt werden, deren Lokalisation bereits in der Literatur beschrieben ist. Ein Sonderfall stellt das GFP und seine Derivate dar, die direkt angeregt werden können und selbst fluoreszieren. Die Membranpermeabilität, die durch den Einsatz von Detergenzien gesteuert werden kann, erlaubt in der Immunfluoreszenz die Demonstration, ob ein immunogenes Epitop innerhalb oder außerhalb der Zelle lokalisiert ist. Die Prädiktion der ausgewählten Proteine kann so experimentell untermauert werden. Alternativ kann der Nachweis von extrazellulären Domänen mittels Durchflusszytometrie erfolgen. Dazu werden Zellen unter nicht permeabilisierenden Bedingungen (z.B. mit PBS/Na-Azid/2% FCS/ 5 mM EDTA) fixiert und im Durchflusszytometer nach Angaben des Herstellers analysiert. Nur extrazelluläre Epitope können bei diesem Verfahren von dem zu

analysierenden Antikörper erkannt werden. Im Unterschied zu Immunfluoreszenz kann durch Verwendung von z.B. Propidiumiodid oder Trypanblau zwischen toten und lebenden Zellen unterschieden werden und damit falsch positive Ergebnisse vermieden werden.

5 Ein weiterer wichtiger Nachweis erfolgt durch die Immunhistochemie (IHC) an spezifischen Gewebeproben. Ziel dieses Verfahrens ist es, die Lokalisation eines Proteins in einem funktionell intakten Gewebeverband zu identifizieren. Die IHC dient im einzelnen dazu, um (1) die Menge an Zielprotein in Tumor- und Normalgeweben abschätzen zu können, (2) zu analysieren, wie viele Zellen in Tumor- und gesundem Gewebe das Zielgen synthetisieren, 10 und (3) den Zelltyp in einem Gewebe (Tumor, gesunde Zellen) zu definieren, in dem das Zielprotein nachweisbar ist. Alternativ können die Proteinmengen eines Zielgens durch Gewebsimmunfluoreszenz mittels Digitalkamera und geeigneter Software (z.B. Tillvision, Till-photonics, Deutschland) quantifiziert werden. Die Technologie ist häufig publiziert worden, Details für Färbung und Mikroskopie sind daher z.B. „Diagnostic 15 Immunohistochemistry“ von David J., MD Dabbs ISBN: 0443065667 oder in „Microscopy, Immunohistochemistry, and Antigen Retrieval Methods: For Light and Electron Microscopy“ ISBN: 0306467704 zu entnehmen. Zu beachten ist, dass aufgrund der Eigenschaften von Antikörpern unterschiedliche Protokolle verwendet werden müssen (nachstehend ist ein Beispiel beschrieben), um zu einem aussagekräftigen Ergebnis zu kommen.

20

In der Regel werden histologisch definierte Tumorgewebe und als Referenz vergleichbare gesunde Gewebe in der IHC eingesetzt. Als Positiv- und Negativkontrollen können dabei auch Zelllinien dienen, bei denen die Präsenz des Zielgens durch RT-PCR Analysen bekannt ist. Eine Hintergrundkontrolle ist immer mitzuführen.

25

Formalin-fixierte (ein anderes Fixierungsverfahren mit z.B. Methanol ist auch möglich) und in Paraffin eingebettete Gewebestücke mit einer Dicke von 4µm werden auf einem Glasträger aufgebracht und z.B. mit Xylol deparaffiniert. Die Proben werden mit TBS-T gewaschen und in Serum blockiert. Anschließend erfolgt die Inkubation mit dem ersten Antikörper 30 (Verdünnung: 1:2 bis 1:2000) für 1-18 Stunden, wobei in der Regel affinitätsgereinigte Antikörper verwendet werden. Nach einem Waschschrift erfolgt eine ca. 30-60 minütige Inkubation mit einem zweiten Antikörper, der mit einer Alkalischen Phosphatase (alternativ: z.B. Peroxidase) gekoppelt und gegen den ersten Antikörper gerichtet ist. Anschließend erfolgt eine Farbreaktion unter Verwendung der Alkalischen Phosphatase (vgl. beispielsweise

Shi et al., *J. Histochem. Cytochem.* 39: 741-748, 1991; Shin et al., *Lab. Invest.* 64: 693-702, 1991). Zum Nachweis der Antikörper-Spezifität kann die Reaktion durch vorherige Zugabe des Immunogens kompetitiert werden.

5 Analyse von Proteinmodifikationen

Sekundäre Proteinmodifikationen wie zum Beispiel N- und O-Glykosylierungen oder Myristilierungen können die Zugänglichkeit von immunogenen Epitopen behindern oder sogar ganz verhindern und damit die Wirksamkeit von Antikörpertherapien in Frage stellen. Zudem konnte vielfach nachgewiesen werden, dass sich Art und Menge der sekundären

10 Modifikationen in Normal- und Tumorgewebe unterscheiden (z.B. Durand & Seta, 2000; Clin. Chem. 46: 795-805; Hakomori, 1996; Cancer Res. 56: 5309-18). Die Analyse dieser Modifikationen ist daher essentiell für den Therapieerfolg eines Antikörpers. Potentielle Bindestellen lassen sich durch spezifische Algorithmen präzisieren.

15 Die Analyse von Proteinmodifikationen erfolgt in der Regel im Western blot (siehe vorstehend). Vor allem Glykosylierungen, die in der Regel eine Größe von mehreren kDa haben, führen zu einer größeren Gesamtmasse des Zielproteins, die sich in der SDS-PAGE auftrennen lässt. Zum Nachweis von spezifischen O- und N-glycosidischen Bindungen werden Proteinlysate vor der Denaturierung durch SDS mit O- oder N- Glykosylasen

20 inkubiert (nach Angaben des jeweiligen Herstellers, z.B. PNGase, Endoglykosidase F, Endoglykosidase H, Roche Diagnostics). Anschließend erfolgt ein Western blot wie vorstehend beschrieben. Bei Verringerung der Größe eines Zielproteins kann so nach Inkubation mit einer Glykosidase eine spezifische Glykosylierung nachgewiesen und auf diesem Weg auch die Tumorspezifität einer Modifikation analysiert werden.

25

Funktionsanalyse des Zielgens

Die Funktion des Targetmoleküls kann entscheidend für seinen therapeutischen Nutzen sein, so dass funktionelle Analysen ein wichtiger Baustein bei der Charakterisierung von therapeutisch nutzbaren Molekülen sind. Die Funktionsanalyse kann entweder in Zellen in

30 Zellkulturexperimenten oder aber in vivo mit Hilfe von Tiermodellen erfolgen. Dabei wird das Gen des Zielmoleküls entweder durch Mutation ausgeschaltet („knockout“) oder aber die Zielsequenz in die Zelle bzw. den Organismus eingefügt („knockin“). Man kann so funktionelle Veränderungen im zellulären Kontext einerseits durch den Funktionsverlust des zu analysierenden Genes („loss of function“) analysieren. Im zweiten Fall lassen sich

Veränderungen analysieren, die durch die Ergänzung des analysierten Genes verursacht werden („gain of function“).

a. Funktionsanalyse in Zellen

- 5 Transfektion. Zur Analyse des „gain of function“ muss das Gen des Zielmoleküls in die Zelle transferiert werden. Dazu werden Zellen mit einer DNA transfiziert, die die Synthese des Zielmoleküls erlauben. In der Regel steht das Gen des Zielmoleküls dabei unter Kontrolle eines starken eukaryontischen Promotors (z.B. Cytomegalievirus-Promotor; CMV). Zur Transfektion von Zelllinien mit DNA sind die verschiedensten Verfahren (z.B.
- 10 Elektroporation, auf Liposomen basierende Transfektion, Kalziumphosphatpräzipitation) gut etabliert (z.B. Lemoine et al., *Methods Mol. Biol.* 75: 441-7, 1997). Das Gen kann dabei entweder ohne genomische Integration transient oder aber mit genomischer Integration nach Selektion mit z.B. Neomycin stabil synthetisiert werden.
- 15 RNA interference (siRNA). Eine Expressionsinhibition des Zielgens, die unter Umständen einen vollständigen Funktionsverlust des Zielmoleküls in Zellen induziert, kann durch die „RNA interference“ (siRNA) Technologie in Zellen erzeugt werden (Hannon, GJ. 2002. RNA interference. *Nature* 418: 244-51; Czauderna et al. 2003. *Nucl. Acid Res.* 31: 670-82). Dazu werden Zellen mit kurzen, ca. 20-25 Nukleotide langen, doppelsträngigen RNA Molekülen
- 20 transfiziert, die für das Zielmolekül spezifisch sind. Ein enzymatischer Prozess führt anschließend zum Abbau der spezifischen RNA des Zielgens und damit zu einer Funktionsinhibition des Zielproteins und ermöglicht damit die Analyse des Zielgens.

- 25 Zelllinien, die mittels Transfektion oder siRNA modifiziert wurden, können anschließend auf unterschiedliche Art und Weise analysiert werden. Nachstehend sind die geläufigsten Beispiele aufgeführt.

1. Proliferation

- 30 Eine Vielzahl von Verfahren sind zur Analyse der Zellproliferation etabliert und werden von verschiedenen Unternehmen kommerziell angeboten (z.B. Roche Diagnostics, Invitrogen, Details zu den Testverfahren sind in den zahlreichen Applikationsprotokollen beschrieben). Die Zellzahl in Zellkulturexperimenten lässt sich durch einfaches Auszählen oder durch kolometrische Tests ermitteln, die die metabolische Aktivität der Zellen messen (z.B. wst-1, Roche Diagnostics). Metabolische Testverfahren messen indirekt über enzymatische Marker

die Zellzahl in einem Experiment. Direkt kann die Zellproliferation durch Analyse der DNA Syntheserate z.B. durch Zugabe von Bromdesoxyuridin (BrdU) gemessen werden, der Nachweis des integrierten BrdU erfolgt über spezifische Antikörper kolometrisch.

5 2. Apoptose und Zytotoxizität

Eine große Anzahl von Testsystemen zum Nachweis von zellulärer Apoptose und von Zytotoxizität sind verfügbar. Ein entscheidendes Charakteristikum ist die spezifische, enzymabhängige Fragmentierung der genomischen DNA, die irreversibel ist und sicher zum Tod der Zelle führt. Verfahren zum Nachweis dieser spezifischen DNA Fragmente sind kommerziell erhältlich. Als zusätzliches Verfahren steht der „TUNEL assay“ zur Verfügung, der DNA Einzelstrangbrüche auch in Gewebeschnitten nachweisen kann. Zytotoxizität wird vor allem über eine veränderte Zellpermeabilität nachgewiesen, die als Marker für den Vitalitätszustand von Zellen dient. Dazu werden entweder im Zellkulturüberstand Marker analysiert, die normalerweise intrazellulär zu finden sind. Alternativ kann auch die Aufnahmefähigkeit von Farbmarkern analysiert werden, die von intakten Zellen nicht aufgenommen werden. Die bekanntesten Beispiele für Farbmarker sind Trypanblau und Propidiumiodid, ein üblicher intrazellulärer Marker ist die Laktatdehydrogenase, die im Überstand enzymatisch nachgewiesen werden kann. Unterschiedliche Testsysteme stehen von verschiedenen kommerziellen Anbietern (z.B. Roche Diagnostics, Invitrogene) zur Verfügung.

3. Migrationsassay

Die Fähigkeit von Zellen zur Migration wird in einem spezifischen Migrationstest vorzugsweise mit Hilfe einer Boyden Kammer (Corning Costar) analysiert (Cinamon G., Alon R. J. Immunol. Methods. 2003 Feb; 273(1-2):53-62; Stockton et al. 2001. Mol. Biol. Cell. 12: 1937-56). Dazu werden Zellen auf einem Filter mit spezifischer Porengröße kultiviert. Zellen, die migrieren können, sind in der Lage, durch diesen Filter in ein weiteres darunter liegendes Kulturgefäß zu wandern. Eine anschließende mikroskopische Analyse erlaubt dann die Bestimmung eines möglicherweise veränderten Migrationsverhaltens, dass durch den „gain of function“ bzw. „loss of function“ des Zielmoleküls induziert wurde.

b. Funktionsanalyse in Tiermodellen

Alternativ zu Zellkulturexperimenten bieten sich zur Analyse der Zielgenfunktion aufwendige in vivo Experimente in Tiermodellen an. Diese Modelle haben im Vergleich zu den

zellbasierenden Verfahren den Vorteil, dass sie Fehlentwicklungen bzw. Krankheiten nachweisen können, die erst im Kontext des gesamten Organismus nachweisbar sind. Eine Vielzahl von Modellen für humane Erkrankungen sind inzwischen verfügbar (Abate-Shen & Shen. 2002. Trends in Genetics S1-5; Matsusue et. al. 2003. J. Clin. Invest. 111:737-47).

- 5 Verschiedene Tiermodelle wie zum Beispiel Hefe, Nematoden oder Zebrafische sind inzwischen intensiv charakterisiert worden. Bevorzugte Modelle sind aber im Vergleich zu anderen Spezies mammale Tiermodelle wie zum Beispiel die Maus (*Mus musculus*), weil sie die biologischen Prozesse im humanen Kontext am besten abbilden können. Für Mäuse sind in den letzten Jahren sowohl transgene Verfahren etabliert worden, die neue Gene in das
- 10 Mausgenom integrieren („gain of function“; Jegstrup I. et al. 2003. Lab Anim. 2003 Jan.;37(1):1-9). Alternativ werden durch andere methodische Ansätze Gene im Mausgenom ausgeschaltet und so ein Funktionsverlust eines gewünschten Gens induziert (knockout Modelle, „loss of function“; Zambrowicz BP & Sands AT. 2003. Nat. Rev. Drug Discov. 2003 Jan;2(1):38-51; Niwa H. 2001. Cell Struct. Funct. 2001 Jun;26(3):137-48.); technische
- 15 Details sind vielfältig publiziert.

- Nach Generierung der Mausmodelle können Veränderungen, die durch das Transgen bzw. durch den Funktionsverlust eines Gens induziert wurden, im Kontext des Gesamtorganismus analysiert werden (Balling R, 2001. Ann. Rev. Genomics Hum. Genet. 2:463-92). So sind
- 20 zum Beispiel Verhaltenstests genauso wie biochemische Untersuchungen etablierter Blutparameter möglich. Histologische Analysen, Immunhistochemie oder die Elektronenmikroskopie ermöglichen die Charakterisierung von Veränderungen auf zellulärer Ebene. Das spezifische Expressionsmuster eines Genes kann durch eine in situ Hybridisierung
- nachgewiesen werden (Peters T. et. al. 2003. Hum. Mol. Genet 12: 2109-20).

Patentansprüche

1. Pharmazeutische Zusammensetzung, umfassend ein Mittel, das die Expression oder Aktivität eines Tumor-assoziierten Antigens hemmt, wobei das Tumor-assoziierte Antigen eine Sequenz aufweist, die von einer Nukleinsäure kodiert wird, die aus der Gruppe ausgewählt ist, bestehend aus:
- 5 (a) einer Nukleinsäure, die eine Nukleinsäuresequenz umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine ungeradzahlige Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon,
- 10 (b) einer Nukleinsäure, die unter stringenten Bedingungen mit der Nukleinsäure unter (a) hybridisiert,
- (c) einer Nukleinsäure, die in Bezug auf die Nukleinsäure unter (a) oder (b) degeneriert ist, und
- (d) einer Nukleinsäure, die zu der Nukleinsäure unter (a), (b) oder (c) komplementär ist.
- 15 2. Pharmazeutische Zusammensetzung, umfassend ein Mittel mit tumorhemmender Aktivität, das selektiv ist für Zellen, die eine Expression oder abnormale Expression eines tumorassoziierten Antigens aufweisen, wobei das Tumor-assoziierte Antigen eine Sequenz aufweist, die von einer Nukleinsäure kodiert wird, die aus der Gruppe ausgewählt ist,
- 20 bestehend aus
- (a) einer Nukleinsäure, die eine Nukleinsäuresequenz umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine ungeradzahlige Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon,
- (b) einer Nukleinsäure, die unter stringenten Bedingungen mit der Nukleinsäure unter (a) hybridisiert,
- 25 (c) einer Nukleinsäure, die in Bezug auf die Nukleinsäure unter (a) oder (b) degeneriert ist, und
- (d) einer Nukleinsäure, die zu der Nukleinsäure unter (a), (b) oder (c) komplementär ist.
- 30 3. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 2, wobei das Mittel die Induktion des Zelltods, die Reduktion des Zellwachstums, eine Schädigung der Zellmembran oder eine Sekretion von Zytokinen bewirkt.

4. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 1 oder 2, wobei das Mittel eine Antisense-Nukleinsäure ist, die selektiv mit der Nukleinsäure hybridisiert, die für das Tumor-assoziierte Antigen kodiert.
- 5 5. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 1 oder 2, wobei das Mittel ein Antikörper ist, der selektiv an das Tumor-assoziierte Antigen bindet.
6. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 2, wobei das Mittel ein komplementaktivierender Antikörper ist, der selektiv an das Tumor-assoziierte Antigen
10 bindet.
7. Pharmazeutische Zusammensetzung, umfassend ein Mittel, das bei einer Verabreichung selektiv die Menge an Komplexen zwischen einem HLA-Molekül und einem Tumor-assoziierten Antigen oder einem Teil davon erhöht, wobei das Tumor-assoziierte
15 Antigen eine Sequenz aufweist, die von einer Nukleinsäure kodiert wird, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus:
 - (a) einer Nukleinsäure, die eine Nukleinsäuresequenz umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine ungeradzahlige Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon,
 - 20 (b) einer Nukleinsäure, die unter stringenten Bedingungen mit der Nukleinsäure unter (a) hybridisiert,
 - (c) einer Nukleinsäure, die in Bezug auf die Nukleinsäure unter (a) oder (b) degeneriert ist, und
 - 25 (d) einer Nukleinsäure, die zu der Nukleinsäure unter (a), (b) oder (c) komplementär ist.
8. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 7, wobei das Mittel einen oder mehrere Bestandteile umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt sind bestehend aus:
 - (i) dem Tumor-assoziierten Antigen oder einem Teil davon,
 - (ii) einer Nukleinsäure, die für das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon kodiert,
 - 30 (iii) einer Wirtszelle, die das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon exprimiert, und
 - (iv) isolierten Komplexen zwischen dem Tumor-assoziierten Antigen oder einem Teil davon und einem HLA-Molekül.

9. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 1, 2 oder 7, wobei das Mittel mehrere Mittel umfasst, die jeweils selektiv die Expression oder Aktivität verschiedener Tumor-assoziierten Antigene hemmen, jeweils selektiv für Zellen sind, die verschiedene Tumor-assoziierte Antigene exprimieren oder die Menge an Komplexen zwischen HLA-Molekülen und verschiedenen Tumor-assoziierten Antigenen oder Teilen davon erhöhen, wobei mindestens eines der Tumor-assoziierten Antigene eine Sequenz aufweist, die von einer Nukleinsäure kodiert wird, die aus der Gruppe ausgewählt ist, bestehend aus:

(a) einer Nukleinsäure, die eine Nukleinsäuresequenz umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine ungeradzahlige Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon,

(b) einer Nukleinsäure, die unter stringenten Bedingungen mit der Nukleinsäure unter (a) hybridisiert,

(c) einer Nukleinsäure, die in Bezug auf die Nukleinsäure unter (a) oder (b) degeneriert ist, und

(d) einer Nukleinsäure, die zu der Nukleinsäure unter (a), (b) oder (c) komplementär ist.

10. Pharmazeutische Zusammensetzung umfassend einen oder mehrer Bestandteile, die aus der Gruppe ausgewählt sind bestehend aus:

(i) einem Tumor-assoziierten Antigen oder einem Teil davon,

(ii) einer Nukleinsäure, die für ein Tumor-assoziiertes Antigen oder einen Teil davon kodiert,

(iii) einem Antikörper, der an ein Tumor-assoziiertes Antigen oder einen Teil davon bindet,

(iv) einer Antisense-Nukleinsäure, die spezifisch mit einer Nukleinsäure, die für ein Tumor-assoziiertes Antigen kodiert, hybridisiert,

(v) einer Wirtszelle, die ein Tumor-assoziiertes Antigen oder einen Teil davon exprimiert, und

(vi) isolierten Komplexen zwischen einem Tumor-assoziierten Antigen oder einem Teil davon und einem HLA-Molekül,

wobei das Tumor-assoziierte Antigen eine Sequenz aufweist, die von einer Nukleinsäure kodiert wird, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus:

(a) einer Nukleinsäure, die eine Nukleinsäuresequenz umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine ungeradzahlige Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon,

(b) einer Nukleinsäure, die unter stringenten Bedingungen mit der Nukleinsäure unter (a) hybridisiert,

(c) einer Nukleinsäure, die in Bezug auf die Nukleinsäure unter (a) oder (b) degeneriert ist, und

(d) einer Nukleinsäure, die zu der Nukleinsäure unter (a), (b) oder (c) komplementär ist.

5 11. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 8 oder 10, wobei die Nukleinsäure unter (ii) in einem Expressionsvektor vorliegt.

12. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 8 oder 10, wobei die Nukleinsäure unter (ii) funktionell mit einem Promotor verbunden ist.

10

13. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 8 oder 10, wobei die Wirtszelle das Tumor-assoziierte Antigen oder den Teil davon sekretiert.



14. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 8 oder 10, wobei die Wirtszelle zusätzlich ein HLA-Molekül exprimiert, das an das Tumor-assoziierte Antigen oder den Teil davon bindet.

15

15. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 14, wobei die Wirtszelle das HLA-Molekül und/oder das Tumor-assoziierte Antigen oder den Teil davon rekombinant exprimiert.

20

16. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 14, wobei die Wirtszelle das HLA-Molekül endogen exprimiert.



17. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 8, 10, 14 oder 16, wobei die Wirtszelle eine Antigen-präsentierende Zelle ist.

25

18. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 17, wobei die Antigen-präsentierende Zelle eine dendritische Zelle, ein Monozyt oder Makrophage ist.

30

19. Pharmazeutische Zusammensetzung nach einem der Ansprüche 8, 10 und 13-18, wobei die Wirtszelle nicht-proliferativ ist.

20. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 5 oder 10, wobei der Antikörper ein monoklonaler Antikörper ist.
21. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 5 oder 10, wobei der Antikörper ein chimärer oder humanisierter Antikörper ist.
22. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 5 oder 10, wobei der Antikörper ein Fragment eines natürlichen Antikörpers ist.
23. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 5 oder 10, wobei der Antikörper mit einem therapeutischen oder diagnostischen Mittel gekoppelt ist.
24. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 4 oder 10, wobei die Antisense-Nukleinsäure eine Sequenz von 6-50 zusammenhängenden Nukleotiden aus der Nukleinsäure, die für das Tumor-assoziierte Antigen kodiert, umfasst.
25. Pharmazeutische Zusammensetzung nach einem der Ansprüche 8 und 10-13, wobei das durch die pharmazeutische Zusammensetzung bereitgestellte Tumor-assoziierte Antigen oder der Teil davon an MHC-Moleküle auf der Oberfläche von Zellen bindet, die eine abnormale Menge des Tumor-assoziierten Antigens oder eines Teils davon exprimieren.
26. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 25, wobei die Bindung eine cytolytische Reaktion hervorruft und/ oder eine Zytokinausschüttung induziert
27. Pharmazeutische Zusammensetzung nach einem der Ansprüche 1-26, ferner umfassend einen pharmazeutisch verträglichen Träger und/oder ein Adjuvans.
28. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 27, wobei das Adjuvans Saponin, GM-CSF, ein CpG-Oligonukleotid, Zytokin oder Chemokin ist.
29. Pharmazeutische Zusammensetzung nach einem der Ansprüche 1-28, die zur Behandlung einer Erkrankung eingesetzt werden kann, die sich durch die Expression oder abnormale Expression eines Tumor-assoziierten Antigens auszeichnet.



30. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 29, wobei die Erkrankung Krebs ist.

31. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 29, wobei die Erkrankung ein Colon-,
5 Rektal-, Nieren-, Brust-, Prostata-, Gebärmutter-, Ovarial-, Endometrial-, Speiseröhren-,
Blut-, Leber-, Pankreas-, Haut-, Gehirn- oder Lungenkrebs, ein Lymphom oder
Neuroblastom, ein Lungen-, Brust-, Prostata-, Colontumor, Nierenzell-, Zervix-, Colon- oder
Mammakarzinom oder Metastasen der vorstehenden Krebsarten oder Tumore ist.

10 32. Pharmazeutische Zusammensetzung nach einem der Ansprüche 1-31, wobei das
Tumor-assoziierte Antigen eine Aminosäuresequenz umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt
ist bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine geradzahlige
Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon.

15 33. Verfahren zur Diagnose einer Erkrankung, die sich durch die Expression oder
abnormale Expression eines Tumor-assoziierten Antigens auszeichnet, umfassend

(i) den Nachweis einer Nukleinsäure, die für das Tumor-assoziierte Antigen kodiert, oder
eines Teils davon, und/oder

(ii) den Nachweis des Tumor-assoziierten Antigens oder eines Teils davon, und/oder

20 (iii) den Nachweis eines Antikörpers gegen das Tumor-assoziierte Antigen oder eines Teils
davon und/oder

(iv) den Nachweis von cytotoxischen oder Helfer-T-Lymphozyten, die für das Tumor-
assoziierte Antigen oder einen Teil davon spezifisch sind, in einer aus einem Patienten
isolierten biologischen Probe, wobei

25 das Tumor-assoziierte Antigen eine Sequenz aufweist, die von einer Nukleinsäure kodiert
wird, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus:

(a) einer Nukleinsäure, die eine Nukleinsäuresequenz umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt
ist bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine ungeradzahlige
Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon,

30 (b) einer Nukleinsäure, die unter stringenten Bedingungen mit der Nukleinsäure unter (a)
hybridisiert,

(c) einer Nukleinsäure, die in Bezug auf die Nukleinsäure unter (a) oder (b) degeneriert ist,
und

(d) einer Nukleinsäure, die zu der Nukleinsäure unter (a), (b) oder (c) komplementär ist.

34. Verfahren nach Anspruch 33, wobei der Nachweis

(i) die Kontaktierung der biologischen Probe mit einem Mittel, das spezifisch an die Nukleinsäure, die für das Tumor-assoziierte Antigen kodiert, oder den Teil davon, an das Tumor-assoziierte Antigen oder den Teil davon, an den Antikörper oder an die cytotoxischen oder Helfer-T-Lymphozyten bindet, und

(ii) den Nachweis der Komplexbildung zwischen dem Mittel und der Nukleinsäure oder dem Teil davon, dem Tumor-assoziierten Antigen oder dem Teil davon, dem Antikörper oder den cytotoxischen oder Helfer-T-Lymphozyten umfasst.

35. Verfahren nach Anspruch 33 oder 34, wobei der Nachweis mit dem Nachweis in einer vergleichbaren normalen biologischen Probe verglichen wird.

36. Verfahren nach einem der Ansprüche 33-35, wobei sich die Erkrankung durch die Expression oder abnormale Expression mehrerer verschiedener Tumor-assoziiierter Antigene auszeichnet und der Nachweis einen Nachweis mehrerer Nukleinsäuren, die für die mehreren verschiedenen Tumor-assoziierten Antigene kodieren, oder von Teilen davon, den Nachweis der mehreren verschiedenen Tumor-assoziierten Antigene oder von Teilen davon, den Nachweis mehrerer Antikörper, die an die mehreren verschiedenen Tumor-assoziierten Antigene oder an Teile davon binden, oder den Nachweis mehrerer cytotoxischer oder Helfer-T-Lymphozyten, die für die mehreren verschiedenen Tumor-assoziierten Antigene spezifisch sind, umfasst.

37. Verfahren nach einem der Ansprüche 33-36, wobei der Nachweis der Nukleinsäure oder des Teils davon mit einer Polynukleotid-Sonde erfolgt, die spezifisch mit der Nukleinsäure oder dem Teil davon hybridisiert.

38. Verfahren nach Anspruch 37, wobei die Polynukleotid-Sonde eine Sequenz von 6-50 zusammenhängenden Nukleotiden aus der Nukleinsäure, die für das Tumor-assoziierte Antigen kodiert, umfasst.

39. Verfahren nach einem der Ansprüche 33-36, wobei der Nachweis der Nukleinsäure oder des Teils davon durch selektive Amplifikation der Nukleinsäure oder des Teils davon erfolgt.

40. Verfahren nach einem der Ansprüche 33-36, wobei das nachzuweisende Tumor-assoziierte Antigen oder der Teil davon in einem Komplex mit einem MHC-Molekül vorliegt.

41. Verfahren nach Anspruch 40, wobei das MHC-Molekül ein HLA-Molekül ist.

5

42. Verfahren nach einem der Ansprüche 33-36 und 40-41, wobei der Nachweis des Tumor-assoziierten Antigens oder des Teils davon mit einem Antikörper erfolgt, der spezifisch an das Tumor-assoziierte Antigen oder den Teil davon bindet.

10 43. Verfahren nach einem der Ansprüche 33-36, wobei der Nachweis des Antikörpers mit einem Protein oder Peptid erfolgt, das spezifisch an den Antikörper bindet.

44. Verfahren zur Bestimmung der Regression, des Verlaufs oder des Ausbruchs einer Erkrankung, die sich durch die Expression oder abnormale Expression eines Tumor-assoziierten Antigens auszeichnet, umfassend die Überwachung einer Probe aus einem Patienten, der die Erkrankung aufweist oder in Verdacht steht, an der Erkrankung zu erkranken, in Bezug auf einen oder mehrere Parameter, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus:

20 (i) der Menge der Nukleinsäure, die für das Tumor-assoziierte Antigen kodiert, oder eines Teils davon,

(ii) der Menge des Tumor-assoziierten Antigens oder eines Teils davon,

(iii) der Menge an Antikörpern, die an das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon binden, und

25 (iv) der Menge an cytolytischen oder Zytokin-ausschüttenden T-Zellen, die für einen Komplex zwischen dem Tumor-assoziierten Antigen oder einem Teil davon und einem MHC-Molekül spezifisch sind, wobei das Tumor-assoziierte Antigen eine Sequenz aufweist, die von einer Nukleinsäure kodiert wird, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus:

(a) einer Nukleinsäure, die eine Nukleinsäuresequenz umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine ungeradzahlige

30 Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon,

(b) einer Nukleinsäure, die unter stringenten Bedingungen mit der Nukleinsäure unter (a) hybridisiert,

(c) einer Nukleinsäure, die in Bezug auf die Nukleinsäure unter (a) oder (b) degeneriert ist, und

(d) einer Nukleinsäure, die zu der Nukleinsäure unter (a), (b) oder (c) komplementär ist.

45. Verfahren nach Anspruch 44, wobei das Verfahren die Bestimmung des oder der Parameter zu einem ersten Zeitpunkt in einer ersten Probe und zu einem zweiten Zeitpunkt in einer weiteren Probe umfasst und durch einen Vergleich der beiden Proben der Verlauf der Erkrankung ermittelt wird.

46. Verfahren nach Anspruch 44 oder 45, wobei die Erkrankung sich durch die Expression oder abnormale Expression mehrerer verschiedener Tumor-assoziiierter Antigene auszeichnet und die Überwachung eine Überwachung

(i) der Menge mehrerer Nukleinsäuren, die für die mehreren verschiedenen Tumor-assoziierten Antigene kodieren, oder von Teilen davon,

(ii) der Menge der mehreren verschiedenen Tumor-assoziierten Antigene oder von Teilen davon,

(iii) der Menge mehrerer Antikörper, die an die mehreren verschiedenen Tumor-assoziierten Antigene oder an Teile davon binden, und/oder

(iv) der Menge mehrerer cytolytischer oder Zytokine-ausschüttender T-Zellen, die für Komplexe zwischen den mehreren verschiedenen Tumor-assoziierten Antigenen oder von Teilen davon und MHC-Molekülen spezifisch sind, umfasst.

47. Verfahren nach einem der Ansprüche 44-46, wobei die Überwachung der Menge der Nukleinsäure oder des Teils davon mit einer Polynukleotid-Sonde erfolgt, die spezifisch mit der Nukleinsäure oder dem Teil davon hybridisiert.

48. Verfahren nach Anspruch 47, wobei die Polynukleotid-Sonde eine Sequenz von 6-50 zusammenhängenden Nukleotiden aus der Nukleinsäure, die für das Tumor-assoziierte Antigen kodiert, umfasst.

49. Verfahren nach einem der Ansprüche 44-46, wobei die Überwachung der Menge der Nukleinsäure oder des Teils davon durch selektive Amplifikation der Nukleinsäure oder des Teils davon erfolgt.

50. Verfahren nach einem der Ansprüche 44-46, wobei die Überwachung der Menge des Tumor-assoziierten Antigens oder des Teils davon mit einem Antikörper erfolgt, der spezifisch an das Tumor-assoziierte Antigen oder den Teil davon bindet.

5 51. Verfahren nach einem der Ansprüche 44-46, wobei die Überwachung der Menge an Antikörpern mit einem Protein oder Peptid erfolgt, das spezifisch an den Antikörper bindet.

52. Verfahren nach einem der Ansprüche 44-46, wobei die Überwachung der Menge an cytolytischen oder Zytokin-ausschüttenden T-Zellen mit einer Zelle erfolgt, die den
10 Komplex zwischen dem Tumor-assoziierten Antigen oder dem Teil davon und einem MHC-Molekül präsentiert.

53. Verfahren nach einem der Ansprüche 37-38, 42-43, 47-48 und 50-52, wobei die Polynukleotid-Sonde, der Antikörper, das Protein oder Peptid oder die Zelle nachweisbar
15 markiert sind.

54. Verfahren nach Anspruch 53, wobei der nachweisbare Marker ein radioaktiver Marker oder ein Enzymmarker ist.

20 55. Verfahren nach einem der Ansprüche 33-54, wobei die Probe Körperflüssigkeit und/oder Körpergewebe umfasst.

56. Verfahren zur Behandlung einer Erkrankung, die sich durch die Expression oder
abnormale Expression eines Tumor-assoziierten Antigens auszeichnet, umfassend die
25 Verabreichung einer pharmazeutischen Zusammensetzung nach einem der Ansprüche 1-32, wobei das Tumor-assoziierte Antigen eine Sequenz aufweist, die von einer Nukleinsäure kodiert wird, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus:

- (a) einer Nukleinsäure, die eine Nukleinsäuresequenz umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine ungeradzahlige
30 Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon,
(b) einer Nukleinsäure, die unter stringenten Bedingungen mit der Nukleinsäure unter (a) hybridisiert,
(c) einer Nukleinsäure, die in Bezug auf die Nukleinsäure unter (a) oder (b) degeneriert ist,
und

(d) einer Nukleinsäure, die zu der Nukleinsäure unter (a), (b) oder (c) komplementär ist.

57. Verfahren zur Behandlung, Diagnose oder Überwachung einer Erkrankung, die sich durch die Expression oder abnormale Expression eines Tumor-assoziierten Antigens auszeichnet, umfassend die Verabreichung eines Antikörpers, der an das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon bindet und mit einem therapeutischen oder diagnostischen Mittel gekoppelt ist, wobei das Tumor-assoziierte Antigen eine Sequenz aufweist, die von einer Nukleinsäure kodiert wird, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus:

(a) einer Nukleinsäure, die eine Nukleinsäuresequenz umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine ungeradzahlige Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon,

(b) einer Nukleinsäure, die unter stringenten Bedingungen mit der Nukleinsäure unter (a) hybridisiert,

(c) einer Nukleinsäure, die in Bezug auf die Nukleinsäure unter (a) oder (b) degeneriert ist, und

(d) einer Nukleinsäure, die zu der Nukleinsäure unter (a), (b) oder (c) komplementär ist.

58. Verfahren nach Anspruch 42, 50 oder 57, wobei der Antikörper ein monoklonaler Antikörper ist.

59. Verfahren nach Anspruch 42, 50 oder 57, wobei der Antikörper ein chimärer oder humanisierter Antikörper ist.

60. Verfahren nach Anspruch 42, 50 oder 57, wobei der Antikörper ein Fragment eines natürlichen Antikörpers ist.

61. Verfahren zur Behandlung eines Patienten mit einer Erkrankung, die sich durch die Expression oder abnormale Expression eines Tumor-assoziierten Antigens auszeichnet, umfassend:

(i) die Entfernung einer Probe mit immunreaktiver Zellen aus dem Patienten,

(ii) die Kontaktierung der Probe mit einer Wirtszelle, die das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon exprimiert, unter Bedingungen, die eine Produktion cytolytischer oder Zytokine-ausschüttender T-Zellen gegen das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon begünstigen, und

(iii) das Einbringen der cytolytischen oder Zytokine-ausschüttenden T-Zellen in den Patienten in einer Menge, die geeignet ist, Zellen zu lysieren, die das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon exprimieren, wobei das Tumor-assoziierte Antigen eine Sequenz aufweist, die von einer Nukleinsäure kodiert wird, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus:

- 5 (a) einer Nukleinsäure, die eine Nukleinsäuresequenz umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine ungeradzahlige Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon,
- (b) einer Nukleinsäure, die unter stringenten Bedingungen mit der Nukleinsäure unter (a) hybridisiert,
- 10 (c) einer Nukleinsäure, die in Bezug auf die Nukleinsäure unter (a) oder (b) degeneriert ist, und
- (d) einer Nukleinsäure, die zu der Nukleinsäure unter (a), (b) oder (c) komplementär ist.

62. Verfahren nach Anspruch 61, wobei die Wirtszelle ein HLA-Molekül rekombinant
- 15 exprimiert, das an das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon bindet.

63. Verfahren nach Anspruch 62, wobei die Wirtszelle ein HLA-Molekül endogen exprimiert, das an das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon bindet.

- 20 64. Verfahren zur Behandlung eines Patienten mit einer Erkrankung, die sich durch die Expression oder abnormale Expression eines Tumor-assoziierten Antigens auszeichnet, umfassend:

- (i) die Identifizierung einer Nukleinsäure, die von Zellen exprimiert wird, die mit der Erkrankung assoziiert sind, wobei die Nukleinsäure aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend
- 25 aus:

- (a) einer Nukleinsäure, die eine Nukleinsäuresequenz umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine ungeradzahlige Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon,
- (b) einer Nukleinsäure, die unter stringenten Bedingungen mit der Nukleinsäure unter (a)
- 30 hybridisiert,
- (c) einer Nukleinsäure, die in Bezug auf die Nukleinsäure unter (a) oder (b) degeneriert ist, und
- (d) einer Nukleinsäure, die zu der Nukleinsäure unter (a), (b) oder (c) komplementär ist,
- (ii) die Transfektion einer Wirtszelle mit der Nukleinsäure oder einem Teil davon,

(iii) die Kultivierung der transfizierten Wirtszelle für eine Expression der Nukleinsäure, und
 (iv) das Einbringen der Wirtszellen oder eines Extrakts davon in den Patienten in einer Menge, die geeignet ist, die Immunreaktion gegen die Zellen des Patienten, die mit der Erkrankung assoziiert sind, zu erhöhen.

5

65. Verfahren nach Anspruch 64, ferner umfassend die Identifizierung eines MHC-Moleküls, das das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon präsentiert, wobei die Wirtszelle das identifizierte MHC-Molekül exprimiert und das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon präsentiert.

10

66. Verfahren nach Anspruch 64 oder 65, wobei die Immunreaktion eine B-Zellen-Reaktion oder eine T-Zellen-Reaktion umfasst.

67. Verfahren nach Anspruch 66, wobei die Immunreaktion eine T-Zellen-Reaktion ist, umfassend die Produktion cytolytischer oder Zytokine-ausschüttender T-Zellen, die spezifisch für die Wirtszellen sind, die das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon präsentieren oder spezifisch für Zellen des Patienten sind, die das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon exprimieren.

15

68. Verfahren nach einem der Ansprüche 61-67, wobei die Wirtszellen nicht-proliferativ sind.

20

69. Verfahren zur Behandlung einer Erkrankung, die sich durch die Expression oder abnormale Expression eines Tumor-assoziierten Antigens auszeichnet, umfassend:

25

(i) die Identifikation von Zellen aus dem Patienten, die abnormale Mengen des Tumor-assoziierten Antigens exprimieren,

(ii) die Isolierung einer Probe der Zellen,

(iii) die Kultivierung der Zellen, und

(iv) das Einbringen der Zellen in den Patienten in einer Menge, die geeignet ist, eine

30

Immunreaktion gegen die Zellen auszulösen, wobei das Tumor-assoziierte Antigen eine Sequenz aufweist, die von einer Nukleinsäure kodiert wird, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus:

(a) einer Nukleinsäure, die eine Nukleinsäuresequenz umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine ungeradzahlige Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon,

(b) einer Nukleinsäure, die unter stringenten Bedingungen mit der Nukleinsäure unter (a) hybridisiert,

(c) einer Nukleinsäure, die in Bezug auf die Nukleinsäure unter (a) oder (b) degeneriert ist, und

(d) einer Nukleinsäure, die zu der Nukleinsäure unter (a), (b) oder (c) komplementär ist.

70. Verfahren nach einem der Ansprüche 33-69, wobei die Erkrankung Krebs ist.

71. Verfahren zur Hemmung der Entwicklung von Krebs bei einem Patienten, umfassend die Verabreichung einer wirksamen Menge einer pharmazeutischen Zusammensetzung nach einem der Ansprüche 1-32.

72. Verfahren nach einem der Ansprüche 33-71, wobei das Tumor-assoziierte Antigen eine Aminosäuresequenz umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine geradzahlige Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon.

73. Nukleinsäure, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus:

(a) einer Nukleinsäure, die eine Nukleinsäuresequenz umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine ungeradzahlige Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon,

(b) einer Nukleinsäure, die unter stringenten Bedingungen mit der Nukleinsäure unter (a) hybridisiert,

(c) einer Nukleinsäure, die in Bezug auf die Nukleinsäure unter (a) oder (b) degeneriert ist, und

(d) einer Nukleinsäure, die zu der Nukleinsäure unter (a), (b) oder (c) komplementär ist.

74. Nukleinsäure, die für ein Protein oder Polypeptid kodiert, das eine Aminosäuresequenz umfasst, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine geradzahlige Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon.

75. Rekombinantes DNA- oder RNA-Molekül, das eine Nukleinsäure nach Anspruch 73 oder 74 umfasst.

76. Rekombinantes DNA-Molekül nach Anspruch 75, wobei das rekombinante DNA-Molekül ein Vektor ist.

77. Rekombinantes DNA-Molekül nach Anspruch 76, wobei der Vektor ein viraler Vektor oder ein Bakteriophage ist.

78. Rekombinantes DNA-Molekül nach einem der Ansprüche 75-77, das ferner Expressionskontrollsequenzen umfasst, die die Expression der Nukleinsäure steuern.

79. Rekombinantes DNA-Molekül nach Anspruch 78, wobei die Expressionskontrollsequenzen homo- oder heterolog zu der Nukleinsäure sind.

80. Wirtszelle, die eine Nukleinsäure nach Anspruch 73 oder 74 oder ein rekombinantes DNA-Molekül nach einem der Ansprüche 75-79 umfasst.

81. Wirtszelle nach Anspruch 80, die ferner eine Nukleinsäure umfasst, die für ein HLA-Molekül kodiert.

82. Protein oder Polypeptid, das von einer Nukleinsäure nach Anspruch 73 kodiert wird.

83. Protein oder Polypeptid, das eine Aminosäuresequenz umfasst, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine geradzahlige Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon.

84. Immunogenes Fragment des Proteins oder Polypeptids nach Anspruch 82 oder 83.

85. Fragment des Proteins oder Polypeptids nach Anspruch 82 oder 83, das an einen menschlichen HLA-Rezeptor oder menschlichen Antikörper bindet.

86. Mittel, das spezifisch an ein Protein oder Polypeptid oder an einen Teil davon bindet, wobei das Protein oder Polypeptid von einer Nukleinsäure kodiert wird, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus:

(a) einer Nukleinsäure, die eine Nukleinsäuresequenz umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt

5 ist bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine ungeradzahlige Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon,

(b) einer Nukleinsäure, die unter stringenten Bedingungen mit der Nukleinsäure unter (a) hybridisiert,

10 (c) einer Nukleinsäure, die in Bezug auf die Nukleinsäure unter (a) oder (b) degeneriert ist, und

(d) einer Nukleinsäure, die zu der Nukleinsäure unter (a), (b) oder (c) komplementär ist.

87. Mittel nach Anspruch 86, wobei das Protein oder Polypeptid eine Aminosäuresequenz umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus den Sequenzen des
15 Sequenzprotokolls, die eine geradzahlige Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon.

88. Mittel nach Anspruch 86 oder 87, wobei das Mittel ein Antikörper ist.

20 89. Mittel nach Anspruch 88, wobei der Antikörper ein monoklonaler, chimärer oder humanisierter Antikörper oder ein Fragment eines Antikörpers ist.

90. Antikörper, der selektiv an einen Komplex aus:

(i) einem Protein oder Polypeptid oder einem Teil davon und

25 (ii) einem MHC-Molekül bindet, an das das Protein oder Polypeptid oder der Teil davon bindet, wobei der Antikörper nicht alleine an (i) oder (ii) bindet und das Protein oder Polypeptid von einer Nukleinsäure kodiert wird, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus:

(a) einer Nukleinsäure, die eine Nukleinsäuresequenz umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt
30 ist bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine ungeradzahlige Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon,

(b) einer Nukleinsäure, die unter stringenten Bedingungen mit der Nukleinsäure unter (a) hybridisiert,

(c) einer Nukleinsäure, die in Bezug auf die Nukleinsäure unter (a) oder (b) degeneriert ist, und

(d) einer Nukleinsäure, die zu der Nukleinsäure unter (a), (b) oder (c) komplementär ist.

5 91. Antikörper nach Anspruch 90, wobei das Protein oder Polypeptid eine Aminosäuresequenz umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine geradzahlige Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon.

10 92. Antikörper nach Anspruch 90 oder 91, wobei der Antikörper ein monoklonaler, chimärer oder humanisierter Antikörper oder ein Fragment eines Antikörpers ist.

93. Konjugat zwischen einem Mittel nach einem der Ansprüche 86-89 oder einem Antikörper nach einem der Ansprüche 90-92 und einem therapeutischen oder diagnostischen Mittel.

94. Konjugat nach Anspruch 93, wobei das therapeutische oder diagnostische Mittel ein Toxin ist.

20 95. Kit zum Nachweis der Expression oder abnormalen Expression eines Tumor-assoziierten Antigens, umfassend Mittel zum Nachweis

(i) der Nukleinsäure, die für das Tumor-assoziierte Antigen kodiert, oder eines Teils davon,

(ii) des Tumor-assoziierten Antigens oder eines Teils davon,

(iii) von Antikörpern, die an das Tumor-assoziierte Antigen oder einen Teil davon binden, und/oder

(iv) von T-Zellen, die für einen Komplex zwischen dem Tumor-assoziierten Antigen oder einem Teil davon und einem MHC-Molekül spezifisch sind, wobei das Tumor-assoziierte Antigen eine Sequenz aufweist, die von einer Nukleinsäure kodiert wird, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus:

30 (a) einer Nukleinsäure, die eine Nukleinsäuresequenz umfasst, die aus der Gruppe ausgewählt ist bestehend aus den Sequenzen des Sequenzprotokolls, die eine ungeradzahlige Sequenznummer aufweisen, und einem Teil oder Derivat davon,

(b) einer Nukleinsäure, die unter stringenten Bedingungen mit der Nukleinsäure unter (a) hybridisiert,

(c) einer Nukleinsäure, die in Bezug auf die Nukleinsäure unter (a) oder (b) degeneriert ist, und

(d) einer Nukleinsäure, die zu der Nukleinsäure unter (a), (b) oder (c) komplementär ist.

5 96. Kit nach Anspruch 95, wobei die Mittel zum Nachweis der Nukleinsäure, die für das Tumor-assoziierte Antigen kodiert, oder eines Teils davon Nukleinsäuremoleküle für die selektive Amplifikation der Nukleinsäure sind.

10 97. Kit nach Anspruch 96, wobei die Nukleinsäuremoleküle für die selektive Amplifikation der Nukleinsäure eine Sequenz von 6-50 zusammenhängenden Nukleotiden aus der Nukleinsäure, die für das Tumor-assoziierte Antigen kodiert, umfassen.

15 98. Rekombinantes DNA-Molekül, umfassend eine Promotorregion, die von einer Nukleinsäuresequenz abgeleitet ist, die aus der Gruppe bestehend aus SEQ ID NOs: 1-305 mit jeweils ungeradzahligem Nummer ausgewählt ist.

99. Pharmazeutische Zusammensetzung, umfassend ein Mittel, das die Expression oder Aktivität der Tumorantigene SEQ ID NOs: 2-306 mit jeweils geradzahligem Nummer hemmt.

20 100. Antikörper, der an die extrazellulären Proteinbereiche umfassend die Sequenzen SEQ ID NOs: 2-306 mit jeweils geradzahligem Nummer bindet.

25 101. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 99, wobei das Mittel eine Antisense-Nukleinsäure ist, die selektiv mit der Nukleinsäure hybridisiert, die für die Tumorantigene kodiert.

30 102. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 101, wobei die Antisense-Nukleinsäure eine Sequenz von 6-50 zusammenhängenden Nukleotiden aus den Nukleinsäuren, die für die Tumorantigene kodieren, umfasst.

103. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 99, wobei das Mittel RNA Interferenz (RNAi) ist.

104. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 103, wobei RNAi eine sog. short hairpin Struktur (shRNA) enthält.

105. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 104, wobei shRNA durch Transkription nach Transfektion mit Expressionsvektoren entstehen.

106. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 104, wobei shRNA durch Transkription von Retroviren entsteht

107. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 104, wobei shRNA durch lentivirale Systeme vermittelt wird.

108. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 99, wobei das Mittel ein kleines chemisches Molekül ist.

109. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 108, wobei die kleinen chemischen Moleküle an die Tumorantigene binden

110. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 109, wobei die kleinen chemischen Moleküle an die extrazellulären Bereiche umfassend SEQ ID NO:2-306 mit jeweils geradzahlgiger Nummer binden.

111. Verfahren zur Behandlung Diagnose oder Überwachung eines metastasierenden Tumors, der sich durch die Expression oder abnormaler Expression der Tumorantigene SEQ ID NO:2-306 mit jeweils geradzahlgiger Nummer auszeichnet, umfassend die Verabreichung eines Antikörpers, der an eines der Tumorantigene SEQ ID NO:2-306 mit jeweils geradzahlgiger Nummer oder einen Teil davon bindet und mit einem therapeutischen oder diagnostischen Mittel gekoppelt ist, wobei das jeweilige Tumorantigen eine Sequenz aufweist, die von einer Nukleinsäure kodiert wird bestehend aus:

- (a) einer Nukleinsäure, die eine Nukleinsäuresequenz umfassend die SEQ ID NO:1-305 mit jeweils ungeradzahlgiger Nummer einem Teil oder Derivat davon ausgewählt ist,
- (b) einer Nukleinsäure, die unter stringenten Bedingungen mit der Nukleinsäure unter (a) hybridisiert,

05.10.04

- (c) einer Nukleinsäure, die in Bezug auf die Nukleinsäure unter (a) oder (b) degeneriert ist und
- (d) einer Nukleinsäure, die zu der Nukleinsäure unter (a), (b) oder (c) komplementär ist.

5 112. Verfahren nach Anspruch 111, wobei der Antikörper ein monoklonaler Antikörper ist.

113. Verfahren nach Anspruch 111, wobei der Antikörper ein chimärer oder humanisierter Antikörper ist.

10 114. Verfahren nach Anspruch 111, wobei der Antikörper ein Fragment eines natürlichen Antikörpers ist.

05.10.04

Zusammenfassung

Erfindungsgemäß wurden Tumor-assoziierte Genprodukte und die dafür kodierenden Nukleinsäuren identifiziert. Die vorliegende Erfindung betrifft die Therapie und Diagnose
5 von Erkrankungen, bei denen diese Tumor-assoziierten Genprodukte aberrant exprimiert werden. Des weiteren betrifft die Erfindung Proteine, Polypeptide und Peptide, die Tumor-assoziiert exprimiert werden und die dafür kodierenden Nukleinsäuren.

05.10.04

XPs.ST25.txt
SEQUENCE LISTING

<110> Ganymed Pharmaceuticals AG

<120> Identifizierung von Oberflächen-assoziierten Antigenen für die Tumordiagnose und -therapie

<130> 342-10

<160> 306

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 504

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (14)..(436)

<223>

<400> 1

taaaaccgga aag atg gag cct cag gtt cgc gct ctg cgt tgc ggg tgc 49
Met Glu Pro Gln Val Arg Ala Leu Arg Cys Gly Cys
1 5 10

tgg aac cga gat tca aaa aga gct tcc gga ggt tcc ata caa gta aat 97
Trp Asn Arg Asp Ser Lys Arg Ala Ser Gly Gly Ser Ile Gln Val Asn
15 20 25

ccg aaa aaa agt gtg tgt ggg ggg gtc cac acc act aat tat tat ggc 145
Pro Lys Lys Ser Val Cys Gly Val His Thr Thr Asn Tyr Tyr Gly
30 35 40

gag gaa gat aaa gaa gac atg gac aga agg cgg atg gct ctg cgg cct 193
Glu Glu Asp Lys Glu Asp Met Asp Arg Arg Arg Met Ala Leu Arg Pro
45 50 55 60

ggc tcc cgc aga ccg acc gcc ttc ttc ttc cat tcg aga tgg ctc gta 241
Gly Ser Arg Arg Pro Thr Ala Phe Phe Phe His Ser Arg Trp Leu Val
65 70 75

ccg aac ctc ctt gcc ttc ttc ctg ggt ctc tcg ggg gct gga cca ata 289
Pro Asn Leu Leu Ala Phe Phe Leu Gly Leu Ser Gly Ala Gly Pro Ile
80 85 90

cat ctg ccg atg ccc tgg ccg aat ggc agg cga cat cgg gtc ctg gac 337
His Leu Pro Met Pro Trp Pro Asn Gly Arg Arg His Arg Val Leu Asp
95 100 105

ccc cac acg cag ctc agt acc cac gag gcc cca ggc cgc tgg aag cct 385
Pro His Thr Gln Leu Ser Thr His Glu Ala Pro Gly Arg Trp Lys Pro
110 115 120

gta gct ccg cgg acg atg aaa gcc tgc ccg cag gtt ctc ctg gag tgg 433
Val Ala Pro Arg Thr Met Lys Ala Cys Pro Gln Val Leu Leu Glu Trp
125 130 135 140

tga gcctctgtcg gaagggggcg cccacgtctt tttaatgggc ctaacacacc 486

agtgaataa atctctaa 504

<210> 2

<211> 140

08.10.04

XPs.ST25.txt

<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 2

Met Glu Pro Gln Val Arg Ala Leu Arg Cys Gly Cys Trp Asn Arg Asp
1 5 10 15
Ser Lys Arg Ala Ser Gly Gly Ser Ile Gln Val Asn Pro Lys Lys Ser
20 25 30
Val Cys Gly Gly Val His Thr Thr Asn Tyr Tyr Gly Glu Glu Asp Lys
35 40 45
Glu Asp Met Asp Arg Arg Arg Met Ala Leu Arg Pro Gly Ser Arg Arg
50 55 60
Pro Thr Ala Phe Phe Phe His Ser Arg Trp Leu Val Pro Asn Leu Leu
65 70 75 80
Ala Phe Phe Leu Gly Leu Ser Gly Ala Gly Pro Ile His Leu Pro Met
85 90 95
Pro Trp Pro Asn Gly Arg Arg His Arg Val Leu Asp Pro His Thr Gln
100 105 110
Leu Ser Thr His Glu Ala Pro Gly Arg Trp Lys Pro Val Ala Pro Arg
115 120 125
Thr Met Lys Ala Cys Pro Gln Val Leu Leu Glu Trp
130 135 140

<210> 3
<211> 1679
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (161)..(1339)
<223>

<400> 3
gaggaggcgc gcgtcgccgc cccgcgtccc gcctgcggcc cgcgcccccg gcgtcaccgc 60
ctcctgcccc cctgccccgcc tgcccgctg cccgcctacc cgcctaccgc cctaccgcgc 120
taccgccctg ccggcctgcc gtccttcac gcggagagcc atg gag gga gtg agc 175
Met Glu Gly Val Ser
1 5
gcg ctg ctg gcc cgc tgc ccc acg gcc ggc ctg gcc ggc ggc ctg ggg 223
Ala Leu Leu Ala Arg Cys Pro Thr Ala Gly Leu Ala Gly Gly Leu Gly
10 15 20
gtc acg gcg tgc gcc gcg gcc ggc gtg ttg ctc tac cgg atc gcg cgg 271
Val Thr Ala Cys Ala Ala Ala Gly Val Leu Leu Tyr Arg Ile Ala Arg
25 30 35

05.10.04

XPs.ST25.txt

agg atg aag cca acg cac acg atg gtc aac tgc tgg ttc tgc aac cag Arg Met Lys Pro Thr His Thr Met Val Asn Cys Trp Phe Cys Asn Gln 40 45 50	319
gat acg ctg gtg ccc tat ggg aac cgc aac tgc tgg gac tgt ccc cac Asp Thr Leu Val Pro Tyr Gly Asn Arg Asn Cys Trp Asp Cys Pro His 55 60 65	367
tgc gag cag tac aac ggc ttc cag gag aac ggc gac tac aac aag ccg Cys Glu Gln Tyr Asn Gly Phe Gln Glu Asn Gly Asp Tyr Asn Lys Pro 70 75 80 85	415
atc ccc gcc cag tac ttg gag cac ctg aac cac gtg gtg agc agc gcg Ile Pro Ala Gln Tyr Leu Glu His Leu Asn His Val Val Ser Ser Ala 90 95 100	463
ccc agc ctg cgc gac cct tcg cag ccg cag cag tgg gtg agc agc caa Pro Ser Leu Arg Asp Pro Ser Gln Pro Gln Gln Trp Val Ser Ser Gln 105 110 115	511
gtc ctg ctg tgc aag agg tgc aac cac cac cag acc acc aag atc aag Val Leu Leu Cys Lys Arg Cys Asn His His Gln Thr Thr Lys Ile Lys 120 125 130	559
ag ctg gcc gcc ttc gct ccc cgc gag gag ggc agg tat gac gag gag Gln Leu Ala Ala Phe Ala Pro Arg Glu Glu Gly Arg Tyr Asp Glu Glu 135 140 145	607
gtc gag gtg tac cgg cat cac ctg gag cag atg tac aag ctg tgc cgg Val Glu Val Tyr Arg His His Leu Glu Gln Met Tyr Lys Leu Cys Arg 150 155 160 165	655
ccg tgc caa gcg gct gtg gag tac tac atc aag cac cag aac cgc cag Pro Cys Gln Ala Ala Val Glu Tyr Tyr Ile Lys His Gln Asn Arg Gln 170 175 180	703
ctg cgc gcc ctg ttg ctc agc cac cag ttc aag cgc cgg gag gcc gac Leu Arg Ala Leu Leu Leu Ser His Gln Phe Lys Arg Arg Glu Ala Asp 185 190 195	751
cag acc cac gca cag aac ttc tcc tcc gcc gtg aag tcc ccg gtc cag Gln Thr His Ala Gln Asn Phe Ser Ser Ala Val Lys Ser Pro Val Gln 200 205 210	799
gtc atc ctg ctc cgt gcc ctc gcc ttc ctg gcc tgc gcc ttc cta ctg Val Ile Leu Leu Arg Ala Leu Ala Phe Leu Ala Cys Ala Phe Leu Leu 215 220 225	847
acc acc gcg ctg tat ggg gcc agc gga cac ttc gcc cca ggc acc act Thr Thr Ala Leu Tyr Gly Ala Ser Gly His Phe Ala Pro Gly Thr Thr 230 235 240 245	895
gtg ccc ctg gcc ctg cca cct ggt ggc aat ggc tca gcc aca cct gac Val Pro Leu Ala Leu Pro Pro Gly Gly Asn Gly Ser Ala Thr Pro Asp 250 255 260	943
aat ggc acc acc cct ggg gcc gag ggc tgg cgg cag ttg ctg ggc cta Asn Gly Thr Thr Pro Gly Ala Glu Gly Trp Arg Gln Leu Leu Gly Leu 265 270 275	991
ctc ccc gag cac atg gcg gag aag ctg tgt gag gcc tgg gcc ttt ggg Leu Pro Glu His Met Ala Glu Lys Leu Cys Glu Ala Trp Ala Phe Gly 280 285 290	1039
cag agc cac cag acg ggc gtc gtg gca ctg ggc cta ctc acc tgc ctg Gln Ser His Gln Thr Gly Val Val Ala Leu Gly Leu Leu Thr Cys Leu 295 300 305	1087

05.10.04

XPs.ST25.txt

ctg gca atg ctg ctg gct ggc cgc atc agg ctg cgg agg atc gat gcc 1135
Leu Ala Met Leu Leu Ala Gly Arg Ile Arg Leu Arg Arg Ile Asp Ala 325
310 315 320

ttc tgc acc tgc ctg tgg gcc ctg ctg ctg ggg ctg cac ctg gct gag 1183
Phe Cys Thr Cys Leu Trp Ala Leu Leu Leu Gly Leu His Leu Ala Glu 340
330 335

cag cac ctg cag gcc gcc tcg cct agc tgg cta gac acg ctg aag ttc 1231
Gln His Leu Gln Ala Ala Ser Pro Ser Trp Leu Asp Thr Leu Lys Phe 355
345 350

agc acc aca tct ttg tgc tgc ctg gtt ggc ttc acg gcg gct gtg gcc 1279
Ser Thr Thr Ser Leu Cys Cys Leu Val Gly Phe Thr Ala Ala Val Ala 370
360 365

aca agg aag gca acg ggc cca cgg agg ttc cgg ccc cga agg tca gag 1327
Thr Arg Lys Ala Thr Gly Pro Arg Arg Phe Arg Pro Arg Arg Ser Glu 385
375 380

aag cag cca tga ctgcgggggg aggacacacg gatgctcagg cccaggcttt 1379
Lys Gln Pro 390

ccagggtccg aagcggggccc ctctctgtcc tgccctctttt cacctgctca cgccctccca 1439

ccccaccct acagccccag gtccctggccc agtccctcca ctgcctcgaa gagtcagtct 1499

gccctgcctt ttcctttcgg gcaccaccag ccatccccga gtgccctgta gccactcacc 1559

actgctgcca cctctctggc caatggccct ttcactggcc tggtgactgg aatgtgggca 1619

gcgcccacac aggtctctggc ccatggcttc ctactggcag ctccaggcac cccctctca 1679

<210> 4
<211> 392
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 4

Met Glu Gly Val Ser Ala Leu Leu Ala Arg Cys Pro Thr Ala Gly Leu
1 5 10 15

Ile Gly Gly Leu Gly Val Thr Ala Cys Ala Ala Ala Gly Val Leu Leu
20 25 30

Tyr Arg Ile Ala Arg Arg Met Lys Pro Thr His Thr Met Val Asn Cys
35 40 45

Trp Phe Cys Asn Gln Asp Thr Leu Val Pro Tyr Gly Asn Arg Asn Cys
50 55 60

Trp Asp Cys Pro His Cys Glu Gln Tyr Asn Gly Phe Gln Glu Asn Gly
65 70 75 80

Asp Tyr Asn Lys Pro Ile Pro Ala Gln Tyr Leu Glu His Leu Asn His
85 90 95

Val Val Ser Ser Ala Pro Ser Leu Arg Asp Pro Ser Gln Pro Gln Gln
100 105 110

08.10.04

XP.s.ST25.txt

Trp Val Ser Ser Gln Val Leu Leu Cys Lys Arg Cys Asn His His Gln
115 120 125

Thr Thr Lys Ile Lys Gln Leu Ala Ala Phe Ala Pro Arg Glu Glu Gly
130 135 140

Arg Tyr Asp Glu Glu Val Glu Val Tyr Arg His His Leu Glu Gln Met
145 150 155 160

Tyr Lys Leu Cys Arg Pro Cys Gln Ala Ala Val Glu Tyr Tyr Ile Lys
165 170 175

His Gln Asn Arg Gln Leu Arg Ala Leu Leu Leu Ser His Gln Phe Lys
180 185 190

Arg Arg Glu Ala Asp Gln Thr His Ala Gln Asn Phe Ser Ser Ala Val
195 200 205

Lys Ser Pro Val Gln Val Ile Leu Leu Arg Ala Leu Ala Phe Leu Ala
210 215 220

Cys Ala Phe Leu Leu Thr Thr Ala Leu Tyr Gly Ala Ser Gly His Phe
225 230 235 240

Ala Pro Gly Thr Thr Val Pro Leu Ala Leu Pro Pro Gly Gly Asn Gly
245 250 255

Ser Ala Thr Pro Asp Asn Gly Thr Thr Pro Gly Ala Glu Gly Trp Arg
260 265 270

Gln Leu Leu Gly Leu Leu Pro Glu His Met Ala Glu Lys Leu Cys Glu
275 280 285

a Trp Ala Phe Gly Gln Ser His Gln Thr Gly Val Val Ala Leu Gly
290 295 300

Leu Leu Thr Cys Leu Leu Ala Met Leu Leu Ala Gly Arg Ile Arg Leu
305 310 315 320

Arg Arg Ile Asp Ala Phe Cys Thr Cys Leu Trp Ala Leu Leu Leu Gly
325 330 335

Leu His Leu Ala Glu Gln His Leu Gln Ala Ala Ser Pro Ser Trp Leu
340 345 350

Asp Thr Leu Lys Phe Ser Thr Thr Ser Leu Cys Cys Leu Val Gly Phe
355 360 365

Thr Ala Ala Val Ala Thr Arg Lys Ala Thr Gly Pro Arg Arg Phe Arg
370 375 380

08.10.04

XP.S.T25.txt

Pro Arg Arg Ser Glu Lys Gln Pro
385 390

<210> 5
<211> 727
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (192)..(698)
<223>

<400> 5
aggcagttgc gggttgcagg agttcaggaa aggaggtggg actagagtca acctggaata 60
gctctacagt aacaatggca gcctttttgt tgctgggaca tccatacagg caacttagct 120
ggtgaaagga ctctggattg gttggcagtc tgcttttttt tttccaaggt gatcacttta 180
gtgtagaaga a atg agg tta aca gaa aag agt gag gga gaa caa caa ctc 230
Met Arg Leu Thr Glu Lys Ser Glu Gly Glu Gln Gln Leu
1 5 10
aag ccc aac aac tct aat gca ccc aat gaa gat caa gaa gaa gaa atc 278
Lys Pro Asn Asn Ser Asn Ala Pro Asn Glu Asp Gln Glu Glu Glu Ile
15 20 25
caa cag tca gaa cag cat act cca gca agg cag cga aca caa aga gca 326
Gln Gln Ser Glu Gln His Thr Pro Ala Arg Gln Arg Thr Gln Arg Ala
30 35 40 45
gac aca cag cca tcc aga tgt cga ttg cct tca cgt agg aca cct aca 374
Asp Thr Gln Pro Ser Arg Cys Arg Leu Pro Ser Arg Arg Thr Pro Thr
50 55 60
aca tcc agc gac aga acg atc aac ctt ctt gaa gtc ctt ccg tgg cct 422
Thr Ser Ser Asp Arg Thr Ile Asn Leu Leu Glu Val Leu Pro Trp Pro
65 70 75
act gag tgg att ttc aac ccc tat cga ttg cct gct ctt ttt gag ctt 470
Thr Glu Trp Ile Phe Asn Pro Tyr Arg Leu Pro Ala Leu Phe Glu Leu
80 85 90
t cct gaa ttt ctt ctg gtg ttt aaa gaa gcc ttc cat gac ata tcc 518
Tyr Pro Glu Phe Leu Leu Val Phe Lys Glu Ala Phe His Asp Ile Ser
95 100 105
cat tgt ctg aaa gcc cag atg gaa aag atc gga ctg ccc atc ata ctc 566
His Cys Leu Lys Ala Gln Met Glu Lys Ile Gly Leu Pro Ile Ile Leu
110 115 120 125
cac ctc ttc gca ctc tcc acc ctc tac ttc tac aag ttt ttc ctt cct 614
His Leu Phe Ala Leu Ser Thr Leu Tyr Phe Tyr Lys Phe Phe Leu Pro
130 135 140
aca att ctt tcc ctt tct ttc ttt att ctt ctt gta ctt ctg ctt ctg 662
Thr Ile Leu Ser Leu Ser Phe Phe Ile Leu Leu Val Leu Leu Leu
145 150 155
ctt ttt att att gtc ttc att ctg atc ttc ttc tga ttcttttgtt 708
Leu Phe Ile Ile Val Phe Ile Leu Ile Phe Phe
160 165
tcaataaaca gcaatgagc 727

05.10.04

XPs.ST25.txt

<210> 6
<211> 168
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 6

Met Arg Leu Thr Glu Lys Ser Glu Gly Glu Gln Gln Leu Lys Pro Asn
1 5 10 15

Asn Ser Asn Ala Pro Asn Glu Asp Gln Glu Glu Ile Gln Gln Ser
20 25 30

Glu Gln His Thr Pro Ala Arg Gln Arg Thr Gln Arg Ala Asp Thr Gln
35 40 45

Pro Ser Arg Cys Arg Leu Pro Ser Arg Arg Thr Pro Thr Thr Ser Ser
50 55 60

Asp Arg Thr Ile Asn Leu Leu Glu Val Leu Pro Trp Pro Thr Glu Trp
65 70 75 80

Ile Phe Asn Pro Tyr Arg Leu Pro Ala Leu Phe Glu Leu Tyr Pro Glu
85 90 95

Phe Leu Leu Val Phe Lys Glu Ala Phe His Asp Ile Ser His Cys Leu
100 105 110

Lys Ala Gln Met Glu Lys Ile Gly Leu Pro Ile Ile Leu His Leu Phe
115 120 125

Ala Leu Ser Thr Leu Tyr Phe Tyr Lys Phe Phe Leu Pro Thr Ile Leu
130 135 140

Ser Leu Ser Phe Phe Ile Leu Leu Val Leu Leu Leu Leu Phe Ile
15 150 155 160

Ile Val Phe Ile Leu Ile Phe Phe
165

<210> 7
<211> 927
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(927)
<223>

<400> 7

atg aca atc aaa gcc atc cga atg aat ttg cat gct gga atc tgc agt
Met Thr Ile Lys Ala Ile Arg Met Asn Leu His Ala Gly Ile Cys Ser
1 5 10 15

48

05.10.04

XPs.ST25.txt

caa acc atg gag gcc cca ttt cat cag gaa agc cac tcg aat tta ata	96
Gln Thr Met Glu Ala Pro Phe His Gln Glu Ser His Ser Asn Leu Ile	
20 25 30	
tct aga gtc aaa ttt ttg att ctg gtc cta aaa att tcg tct cct ata	144
Ser Arg Val Lys Phe Leu Ile Leu Val Leu Lys Ile Ser Ser Pro Ile	
35 40 45	
ttt cct tat ctt aac aca gga agt ggc agg aac aaa gtg agt ttc ttg	192
Phe Pro Tyr Leu Asn Thr Gly Ser Gly Arg Asn Lys Val Ser Phe Leu	
50 55 60	
gca gag tct gga cac agg aca atc agt aga agg gcc gca ata gat ttg	240
Ala Glu Ser Gly His Arg Thr Ile Ser Arg Arg Ala Ala Ile Asp Leu	
65 70 75 80	
aca gtt gct gaa cgc aca ttt ggc tgg ctg gca gct ggt ggg ttt gtt	288
Thr Val Ala Glu Arg Thr Phe Gly Trp Leu Ala Ala Gly Gly Phe Val	
85 90 95	
act gtt ctc ctg gca gtt gtc cag gac cca ggt tgg aaa cta cta aca	336
Thr Val Leu Leu Ala Val Val Gln Asp Pro Gly Trp Lys Leu Leu Thr	
100 105 110	
gt atg agt ttt caa aac aga gct gaa gaa cat acc gct ctc gat gat	384
Ser Met Ser Phe Gln Asn Arg Ala Glu Glu His Thr Ala Leu Asp Asp	
115 120 125	
gac cta tgc aaa agg atg gat gac tgt aaa aag cat atg ttt ggg gac	432
Asp Leu Cys Lys Arg Met Asp Asp Cys Lys Lys His Met Phe Gly Asp	
130 135 140	
cca tgt tcc aga gca aga tgg acg aca cgt gct gaa cac atg ggt cag	480
Pro Cys Ser Arg Ala Arg Trp Thr Thr Arg Ala Glu His Met Gly Gln	
145 150 155 160	
agg ttg gca acc act gaa cag agg ccc cag agg tct gag gct gct gga	528
Arg Leu Ala Thr Thr Glu Gln Arg Pro Gln Arg Ser Glu Ala Ala Gly	
165 170 175	
cac aac gtg aag act ttg agg acg ata ggc caa gca act cga ggg ttg	576
His Asn Val Lys Thr Leu Arg Thr Ile Gly Gln Ala Thr Arg Gly Leu	
180 185 190	
gca tcc aga aga tac tgg aag gca gga act gga gaa gaa aga agc agg	624
Ala Ser Arg Arg Tyr Trp Lys Ala Gly Thr Gly Glu Glu Arg Ser Arg	
195 200 205	
aag aaa act gct tcc ttg gca agg cct ggg cac gta gta agc agt gga	672
Lys Lys Thr Ala Ser Leu Ala Arg Pro Gly His Val Val Ser Ser Gly	
210 215 220	
aga acc gca aga ggt ttc aag att gcc ggt ctc aca gtg gac cgg ctg	720
Arg Thr Ala Arg Gly Phe Lys Ile Ala Gly Leu Thr Val Asp Arg Leu	
225 230 235 240	
gca gct ggt tgg ttc acc gca ggt ctc ttg gca gtt gtc tgt gac cca	768
Ala Ala Gly Trp Phe Thr Ala Gly Leu Leu Ala Val Val Cys Asp Pro	
245 250 255	
ggt ttc ttg gca gta gtt cag gag ctg gat tct gcc ata gct gtt cct	816
Gly Phe Leu Ala Val Val Gln Glu Leu Asp Ser Ala Ile Ala Val Pro	
260 265 270	
ggc tta gca gag gac atc tct gag ggt cac atg aaa aaa ggg gct att	864
Gly Leu Ala Glu Asp Ile Ser Glu Gly His Met Lys Lys Gly Ala Ile	
275 280 285	

05.10.04

XPs.ST25.txt

aga ggg gat gac agc ccc atg gca ata acc cct gag gga atg aca gct
Arg Gly Asp Asp Ser Pro Met Ala Ile Thr Pro Glu Gly Met Thr Ala
290 295 300

912

gtg gtt ttc acc tga
Val Val Phe Thr
305

927

<210> 8
<211> 308
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 8

Met Thr Ile Lys Ala Ile Arg Met Asn Leu His Ala Gly Ile Cys Ser
1 5 10 15

Gln Thr Met Glu Ala Pro Phe His Gln Glu Ser His Ser Asn Leu Ile
20 25 30

Arg Val Lys Phe Leu Ile Leu Val Leu Lys Ile Ser Ser Pro Ile
35 40 45

Phe Pro Tyr Leu Asn Thr Gly Ser Gly Arg Asn Lys Val Ser Phe Leu
50 55 60

Ala Glu Ser Gly His Arg Thr Ile Ser Arg Arg Ala Ala Ile Asp Leu
65 70 75 80

Thr Val Ala Glu Arg Thr Phe Gly Trp Leu Ala Ala Gly Gly Phe Val
85 90 95

Thr Val Leu Leu Ala Val Val Gln Asp Pro Gly Trp Lys Leu Leu Thr
100 105 110

Ser Met Ser Phe Gln Asn Arg Ala Glu Glu His Thr Ala Leu Asp Asp
115 120 125

Asp Leu Cys Lys Arg Met Asp Asp Cys Lys Lys His Met Phe Gly Asp
130 135 140

Pro Cys Ser Arg Ala Arg Trp Thr Thr Arg Ala Glu His Met Gly Gln
145 150 155 160

Arg Leu Ala Thr Thr Glu Gln Arg Pro Gln Arg Ser Glu Ala Ala Gly
165 170 175

His Asn Val Lys Thr Leu Arg Thr Ile Gly Gln Ala Thr Arg Gly Leu
180 185 190

Ala Ser Arg Arg Tyr Trp Lys Ala Gly Thr Gly Glu Glu Arg Ser Arg
195 200 205

06.10.04

XPs.ST25.txt

Lys Lys Thr Ala Ser Leu Ala Arg Pro Gly His Val Val Ser Ser Gly
210 215 220

Arg Thr Ala Arg Gly Phe Lys Ile Ala Gly Leu Thr Val Asp Arg Leu
225 230 235 240

Ala Ala Gly Trp Phe Thr Ala Gly Leu Leu Ala Val Val Cys Asp Pro
245 250 255

Gly Phe Leu Ala Val Val Gln Glu Leu Asp Ser Ala Ile Ala Val Pro
260 265 270

Gly Leu Ala Glu Asp Ile Ser Glu Gly His Met Lys Lys Gly Ala Ile
275 280 285

Arg Gly Asp Asp Ser Pro Met Ala Ile Thr Pro Glu Gly Met Thr Ala
290 295 300

Val Val Phe Thr
305

<210> 9
<211> 950
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (315)..(860)
<223>

<400> 9
gcgagcccga gcaggcagac gcgcggccgg cggctctgggg gcgcgccgcc tcccgggtccc 60

caaatgtga agcggggagg gcggagacgc agagacggcc cggccgggag ccctcgccgc 120

cctccggcag ccgcgccgct ccctccgctg cacgcccagg cctgagcagc gaggccaccg 180

ccgcgcgc tcccagcttc gctcggacgc ggcttcggcc cgcagagggt tcgtggcccg 240

gacgcggcga gagctgggccc caggacggtg cgtccggcct cgcccgcggc tgctcgacc 300

aacaagtttg aaca atg atc acc gtc aac ccc gat ggg aag ata atg gtc 350
Met Ile Thr Val Asn Pro Asp Gly Lys Ile Met Val
1 5 10

aga aga tgc ctg gtc acc ctg aga ccc ttt cgg ctt ttt gtc ctg ggc 398
Arg Arg Cys Leu Val Thr Leu Arg Pro Phe Arg Leu Phe Val Leu Gly
15 20 25

atc ggc ttc ttc act ctc tgc ttc ctg atg acg tct ctg gga ggc cag 446
Ile Gly Phe Phe Thr Leu Cys Phe Leu Met Thr Ser Leu Gly Gly Gln
30 35 40

ttc tcg gcc cgg cgc ctg ggg gac tcg cca ttc acc atc cgc aca gaa 494
Phe Ser Ala Arg Arg Leu Gly Asp Ser Pro Phe Thr Ile Arg Thr Glu
45 50 55 60

gtg atg ggg ggc ccc gag tcc cgc ggc gtc ctg cgc aag atg agc gac 542
Val Met Gly Gly Pro Glu Ser Arg Gly Val Leu Arg Lys Met Ser Asp
65 70 75

XPs.ST25.txt

ctg ctg gag ctg atg gtg aag cgc atg gac gca ctg gcc agg ctg gag 590
 Leu Leu Glu Leu Met Val Lys Arg Met Asp Ala Leu Ala Arg Leu Glu
 80 85 90

aac agc agt gag ctg cac cgg gcc ggc ggc gac ctg cac ttt ccc gca 638
 Asn Ser Ser Glu Leu His Arg Ala Gly Gly Asp Leu His Phe Pro Ala
 95 100 105

gac agg atg ccc cct ggg gcc ggc ctc atg gag cgg atc cag gct att 686
 Asp Arg Met Pro Pro Gly Ala Gly Leu Met Glu Arg Ile Gln Ala Ile
 110 115 120

gcc cag aac gtc tcc gac atc gct gtg aag gtg gac cag atc ctg cgc 734
 Ala Gln Asn Val Ser Asp Ile Ala Val Lys Val Asp Gln Ile Leu Arg
 125 130 135 140

cac agt ctg ctc ctg cac agc aag gtg tca gaa ggc cgg cgg gac cag 782
 His Ser Leu Leu Leu His Ser Lys Val Ser Glu Gly Arg Arg Asp Gln
 145 150 155

tgt gag gca ccc agt gac ccc aag ttc cct gac tgc tca ggg aag gtg 830
 s Glu Ala Pro Ser Asp Pro Lys Phe Pro Asp Cys Ser Gly Lys Val
 160 165 170

gca gtg gat gcg tgc ccg ctg gac ctc tga cccctgctac gccttctttg 880
 Ala Val Asp Ala Cys Pro Leu Asp Leu
 175 180

gggtggacgg caccgagtgc tccttctca tctacctcag tgaggtcgag tggttctgcc 940
 ccccgctgcc 950

<210> 10
 <211> 181
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 10

Met Ile Thr Val Asn Pro Asp Gly Lys Ile Met Val Arg Arg Cys Leu
 1 5 10 15

1 Thr Leu Arg Pro Phe Arg Leu Phe Val Leu Gly Ile Gly Phe Phe
 20 25 30

Thr Leu Cys Phe Leu Met Thr Ser Leu Gly Gly Gln Phe Ser Ala Arg
 35 40 45

Arg Leu Gly Asp Ser Pro Phe Thr Ile Arg Thr Glu Val Met Gly Gly
 50 55 60

Pro Glu Ser Arg Gly Val Leu Arg Lys Met Ser Asp Leu Leu Glu Leu
 65 70 75 80

Met Val Lys Arg Met Asp Ala Leu Ala Arg Leu Glu Asn Ser Ser Glu
 85 90 95

Leu His Arg Ala Gly Gly Asp Leu His Phe Pro Ala Asp Arg Met Pro
 100 105 110

05.10.04

XPs.ST25.txt

Pro Gly Ala Gly Leu Met Glu Arg Ile Gln Ala Ile Ala Gln Asn Val
115 120 125

Ser Asp Ile Ala Val Lys Val Asp Gln Ile Leu Arg His Ser Leu Leu
130 135 140

Leu His Ser Lys Val Ser Glu Gly Arg Arg Asp Gln Cys Glu Ala Pro
145 150 155 160

Ser Asp Pro Lys Phe Pro Asp Cys Ser Gly Lys Val Ala Val Asp Ala
165 170 175

Cys Pro Leu Asp Leu
180

<210> 11
<211> 1612
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (275)..(1612)
<223>

<400> 11
ggaccgcggc agcgccgcag tgcagcccgg cgccggcgac tgccctgcccc agcccctcag 60
tggcggtcttg ctctcttctc tcgctccgag ccagacacag ccgctgtcgc tgccatctgg 120
cgcgccgcag actccccgaga acagccctgg ctgtcagcgg gcaccagccg cttcctgtgc 180
ccatcgcaact ggagggggcgc accacggcca ccgagccaga ggcgcttcag gaagcaagag 240
aagtccccgc gcgctccggg acccggcgca gctc atg gtg agc gcc ctt tgg ggc 295
Met Val Ser Ala Leu Trp Gly
1 5

tcg agg gtc cct tgg ctg agg ggg cgc atc ctc ggg gtg ccc gat ggg 343
r Arg Val Pro Trp Leu Arg Gly Arg Ile Leu Gly Val Pro Asp Gly
10 15 20

gct gcc tgg ggg tcg cag ggc tgt agt tgg gat cgc gca caa acc gac 391
Ala Ala Trp Gly Ser Gln Gly Cys Ser Trp Asp Arg Ala Gln Thr Asp
25 30 35

tct gcg gcc cag ccc gaa atg ctg ccg cca agg agc aac gac acc gcg 439
Ser Ala Ala Gln Pro Glu Met Leu Pro Pro Arg Ser Asn Asp Thr Ala
40 45 50 55

tac ccg ggg cag tta gcg cta tac cag cag ctg gcg cag ggg aat gcc 487
Tyr Pro Gly Gln Leu Ala Leu Tyr Gln Gln Leu Ala Gln Gly Asn Ala
60 65 70

gtg ggg ggc tcg gcg ggg gca ccg cca ctg ggg ccc gtg cag gtg gtc 535
Val Gly Gly Ser Ala Gly Ala Pro Pro Leu Gly Pro Val Gln Val Val
75 80 85

acc gcc tgc ctg ctg acc cta ctc gtc atc tgg acc ttg ctg ggc aac 583
Thr Ala Cys Leu Leu Thr Leu Leu Val Ile Trp Thr Leu Leu Gly Asn
90 95 100

05.10.04

xps.ST25.txt

gtg	ctg	gtg	tcc	gca	gcc	atc	gtg	tgg	agc	cgc	cac	ctg	cgc	gcc	aag	631
Val	Leu	Val	Ser	Ala	Ala	Ile	Val	Trp	Ser	Arg	His	Leu	Arg	Ala	Lys	
	105					110					115					
atg	acc	aac	gtc	ttc	atc	gtg	tct	cta	cct	gtg	tca	gac	ctc	ttc	gtg	679
Met	Thr	Asn	Val	Phe	Ile	Val	Ser	Leu	Pro	Val	Ser	Asp	Leu	Phe	Val	
	120				125					130					135	
gcg	ctg	ctg	gtc	atg	tcc	tgg	aag	gca	gtc	gcc	gag	gtg	gcc	ggt	tac	727
Ala	Leu	Leu	Val	Met	Ser	Trp	Lys	Ala	Val	Ala	Glu	Val	Ala	Gly	Tyr	
				140					145					150		
tgg	ccc	ttt	gaa	gcg	ttc	tgc	gac	gtc	tgg	gtg	gcc	ttc	gac	atc	atg	775
Trp	Pro	Phe	Glu	Ala	Phe	Cys	Asp	Val	Trp	Val	Ala	Phe	Asp	Ile	Met	
			155					160					165			
tgc	tcc	acc	gcc	tcc	atc	ctg	aac	ctg	tgc	gtc	atc	agc	gtg	gcc	cgc	823
Cys	Ser	Thr	Ala	Ser	Ile	Leu	Asn	Leu	Cys	Val	Ile	Ser	Val	Ala	Arg	
		170					175					180				
tac	tgg	gcc	atc	tcc	agg	ccc	ttc	cgc	tac	gag	cgc	aag	atg	acc	cag	871
Tyr	Trp	Ala	Ile	Ser	Arg	Pro	Phe	Arg	Tyr	Glu	Arg	Lys	Met	Thr	Gln	
						190					195					
atg	atg	gcc	ttg	gtc	atg	gag	gcc	gtt	tgg	gag	ccc	gac	gtg	agg	gca	919
Arg	Met	Ala	Leu	Val	Met	Glu	Ala	Val	Trp	Glu	Pro	Asp	Val	Arg	Ala	
					205					210					215	
gag	aac	tgt	gac	tcc	agc	ctg	aat	cga	acc	tac	gcc	atc	cct	tcc	tcg	967
Glu	Asn	Cys	Asp	Ser	Ser	Leu	Asn	Arg	Thr	Tyr	Ala	Ile	Pro	Ser	Ser	
				220					225					230		
ctc	atc	agc	ttc	tac	atc	ccc	atg	gcc	atc	atg	atc	gtg	acc	tac	acg	1015
Leu	Ile	Ser	Phe	Tyr	Ile	Pro	Met	Ala	Ile	Met	Ile	Val	Thr	Tyr	Thr	
			235					240					245			
cgc	atc	tac	cgc	atc	gcc	cag	gtg	cag	atc	cgc	agg	att	tcc	tcc	ctg	1063
Arg	Ile	Tyr	Arg	Ile	Ala	Gln	Val	Gln	Ile	Arg	Arg	Ile	Ser	Ser	Leu	
		250					255					260				
gag	agg	gcc	gca	gag	cac	gtg	cag	agc	tgc	cgg	agc	agc	gca	ggc	tgc	1111
Glu	Arg	Ala	Ala	Glu	His	Val	Gln	Ser	Cys	Arg	Ser	Ser	Ala	Gly	Cys	
		265				270					275					
acg	ccc	gac	acc	agc	ctg	cgg	ttt	tcc	atc	aag	aag	gag	acc	gag	gtt	1159
Thr	Pro	Asp	Thr	Ser	Leu	Arg	Phe	Ser	Ile	Lys	Lys	Glu	Thr	Glu	Val	
					285					290					295	
ctc	aag	acc	ctg	tcg	gtg	atc	atg	ggg	gtc	ttc	gtg	tgt	tgc	tgg	ctg	1207
Leu	Lys	Thr	Leu	Ser	Val	Ile	Met	Gly	Val	Phe	Val	Cys	Cys	Trp	Leu	
				300					305					310		
ccc	ttc	ttc	atc	ctt	aac	tgc	atg	gtt	cct	ttc	tgc	agt	gga	cac	ccc	1255
Pro	Phe	Phe	Ile	Leu	Asn	Cys	Met	Val	Pro	Phe	Cys	Ser	Gly	His	Pro	
			315					320					325			
aaa	ggc	cct	ccg	gcc	ggc	ttc	ccc	tgc	gtc	agt	gag	acc	aca	ttc	gat	1303
Lys	Gly	Pro	Pro	Ala	Gly	Phe	Pro	Cys	Val	Ser	Glu	Thr	Thr	Phe	Asp	
		330					335					340				
gtc	ttc	atc	tgt	cac	tat	gcc	ttc	aac	gcc	gac	ttc	cgg	aag	gtg	ttt	1351
Val	Phe	Ile	Cys	His	Tyr	Ala	Phe	Asn	Ala	Asp	Phe	Arg	Lys	Val	Phe	
		345				350					355					
gcc	cag	ctg	ctg	ggg	tgc	agc	cac	gtc	tgc	tcc	cgc	acg	ccg	gtg	gag	1399
Ala	Gln	Leu	Leu	Gly	Cys	Ser	His	Val	Cys	Ser	Arg	Thr	Pro	Val	Glu	
				365					370						375	

XPs.ST25.txt

acg gtc aac atc agc aat gag ctc atc tcc tac aac caa gac acg gtc	1447
Thr Val Asn Ile Ser Asn Glu Leu Ile Ser Tyr Asn Gln Asp Thr Val	
380 385 390	
ttc cac aag gaa atc gca gct gcc tac atc cac atg atg ccc aac gcc	1495
Phe His Lys Glu Ile Ala Ala Tyr Ile His Met Met Pro Asn Ala	
395 400 405	
att ccc ccc ggg gac cgg gag gtg gac aac gat gag gag gag agt	1543
Ile Pro Pro Gly Asp Arg Glu Val Asp Asn Asp Glu Glu Glu Ser	
410 415 420	
cct ttc gat cgc atg tcc cag atc tat cag aca tcc cca gat ggt gac	1591
Pro Phe Asp Arg Met Ser Gln Ile Tyr Gln Thr Ser Pro Asp Gly Asp	
425 430 435	
cat gtt gca gag tct gtc tga	1612
His Val Ala Glu Ser Val	
440 445	

<210> 12
 <211> 445
 <12> PRT
 <13> Homo sapiens

<400> 12

Met Val Ser Ala Leu Trp Gly Ser Arg Val Pro Trp Leu Arg Gly Arg	
1 5 10 15	
Ile Leu Gly Val Pro Asp Gly Ala Ala Trp Gly Ser Gln Gly Cys Ser	
20 25 30	
Trp Asp Arg Ala Gln Thr Asp Ser Ala Ala Gln Pro Glu Met Leu Pro	
35 40 45	
Pro Arg Ser Asn Asp Thr Ala Tyr Pro Gly Gln Leu Ala Leu Tyr Gln	
50 55 60	
Gln Leu Ala Gln Gly Asn Ala Val Gly Gly Ser Ala Gly Ala Pro Pro	
65 70 75 80	
Leu Gly Pro Val Gln Val Val Thr Ala Cys Leu Leu Thr Leu Leu Val	
85 90 95	
Ile Trp Thr Leu Leu Gly Asn Val Leu Val Ser Ala Ala Ile Val Trp	
100 105 110	
Ser Arg His Leu Arg Ala Lys Met Thr Asn Val Phe Ile Val Ser Leu	
115 120 125	
Pro Val Ser Asp Leu Phe Val Ala Leu Leu Val Met Ser Trp Lys Ala	
130 135 140	
Val Ala Glu Val Ala Gly Tyr Trp Pro Phe Glu Ala Phe Cys Asp Val	
145 150 155 160	

08.10.04

XPs.ST25.txt

Trp Val Ala Phe Asp Ile Met Cys Ser Thr Ala Ser Ile Leu Asn Leu
165 170 175

Cys Val Ile Ser Val Ala Arg Tyr Trp Ala Ile Ser Arg Pro Phe Arg
180 185 190

Tyr Glu Arg Lys Met Thr Gln Arg Met Ala Leu Val Met Glu Ala Val
195 200 205

Trp Glu Pro Asp Val Arg Ala Glu Asn Cys Asp Ser Ser Leu Asn Arg
210 215 220

Thr Tyr Ala Ile Pro Ser Ser Leu Ile Ser Phe Tyr Ile Pro Met Ala
225 230 235 240

Ile Met Ile Val Thr Tyr Thr Arg Ile Tyr Arg Ile Ala Gln Val Gln
245 250 255

Arg Arg Ile Ser Ser Leu Glu Arg Ala Ala Glu His Val Gln Ser
260 265 270

Cys Arg Ser Ser Ala Gly Cys Thr Pro Asp Thr Ser Leu Arg Phe Ser
275 280 285

Ile Lys Lys Glu Thr Glu Val Leu Lys Thr Leu Ser Val Ile Met Gly
290 295 300

Val Phe Val Cys Cys Trp Leu Pro Phe Phe Ile Leu Asn Cys Met Val
305 310 315 320

Pro Phe Cys Ser Gly His Pro Lys Gly Pro Pro Ala Gly Phe Pro Cys
325 330 335

Val Ser Glu Thr Thr Phe Asp Val Phe Ile Cys His Tyr Ala Phe Asn
340 345 350

Ala Asp Phe Arg Lys Val Phe Ala Gln Leu Leu Gly Cys Ser His Val
355 360 365

Cys Ser Arg Thr Pro Val Glu Thr Val Asn Ile Ser Asn Glu Leu Ile
370 375 380

Ser Tyr Asn Gln Asp Thr Val Phe His Lys Glu Ile Ala Ala Ala Tyr
385 390 395 400

Ile His Met Met Pro Asn Ala Ile Pro Pro Gly Asp Arg Glu Val Asp
405 410 415

Asn Asp Glu Glu Glu Glu Ser Pro Phe Asp Arg Met Ser Gln Ile Tyr
420 425 430

05.10.04

XPs.ST25.txt

Gln Thr Ser Pro Asp Gly Asp His Val Ala Glu Ser Val
435 440 445

<210> 13
<211> 1448
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (48)..(1448)
<223>

<400> 13
gtaagtgggc ctgcaaaggt gaattccatg ctaaatccaa agacata atg cat ttg 56
Met His Leu
1

aaa ctg ttt ttg gca gac aca gcc gct gtc gct gcc atg tgg cgc gcc 104
Lys Leu Phe Leu Ala Asp Thr Ala Ala Val Ala Ala Met Trp Arg Ala
5 10 15

a gac tcc cga gaa cag ccc tgg ctg tca gcg ggc acc agc cgc ttc 152
a Asp Ser Arg Glu Gln Pro Trp Leu Ser Ala Gly Thr Ser Arg Phe
20 25 30 35

ctg tgc cca tcg cgt aga ctg gag ggg cgc acc acg gcc acc gag cca 200
Leu Cys Pro Ser Arg Arg Leu Glu Gly Arg Thr Thr Ala Thr Glu Pro
40 45 50

gag gcg ctt cag gaa gca aga gaa gtc ccc gcg cgc tcc ggg acc cgg 248
Glu Ala Leu Gln Glu Ala Arg Glu Val Pro Ala Arg Ser Gly Thr Arg
55 60 65

cgc agc tca tgg agc aac ggc acc gcg tac ccg ggg cag tta gcg ctg 296
Arg Ser Ser Trp Ser Asn Gly Thr Ala Tyr Pro Gly Gln Leu Ala Leu
70 75 80

tac cag cag ctg gcg cag ggg aat gcc gtg ggg ggc tcg gcg ggg gca 344
Tyr Gln Gln Leu Ala Gln Gly Asn Ala Val Gly Gly Ser Ala Gly Ala
85 90 95

ccg cca ctg ggg ccc gtg cag gtg gtc acc gcc tgc ctg ctg gcc cta 392
Pro Pro Leu Gly Pro Val Gln Val Val Thr Ala Cys Leu Leu Ala Leu
100 105 110 115

cc atc atc tgg acc ttg ctg ggc aac gtg ctg gtg tcc gca gcc atc 440
Leu Ile Ile Trp Thr Leu Leu Gly Asn Val Leu Val Ser Ala Ala Ile
120 125 130

gtg cgg agc cgc cac ctg cgc gcc aag atg acc aac gtc ttc atc gtg 488
Val Arg Ser Arg His Leu Arg Ala Lys Met Thr Asn Val Phe Ile Val
135 140 145

tct cta cct gtg tca gac ctc ttc gtg gcg ctg ctg gtc atg tcc tgg 536
Ser Leu Pro Val Ser Asp Leu Phe Val Ala Leu Leu Val Met Ser Trp
150 155 160

aag gca gtc gcc gag gtg gcc ggt tac tgg ccc ttt gaa gcg ttc tgc 584
Lys Ala Val Ala Glu Val Ala Gly Tyr Trp Pro Phe Glu Ala Phe Cys
165 170 175

gac gtc tgg gtg gcc ttc gac atc atg tgc tcc acc gcc tcc atc ctg 632
Asp Val Trp Val Ala Phe Asp Ile Met Cys Ser Thr Ala Ser Ile Leu
180 185 190 195

aac ctg tgc gtc atc agc gtg gcc cgc tac tgg gcc atc tcc agg ccc 680
Seite 16

05.10.04

XPs.ST25.txt

Asn	Leu	Cys	Val	Ile	Ser	Val	Ala	Arg	Tyr	Trp	Ala	Ile	Ser	Arg	Pro	
				200					205					210		
ttc	cgc	tac	gag	cgc	aag	atg	acc	cag	cgc	atg	gcc	ttg	gtc	atg	gag	728
Phe	Arg	Tyr	Glu	Arg	Lys	Met	Thr	Gln	Arg	Met	Ala	Leu	Val	Met	Glu	
			215					220					225			
gcc	gtt	tgg	gag	ccc	gac	gtg	agg	gca	gag	aac	tgt	gac	tcc	agc	ctg	776
Ala	Val	Trp	Glu	Pro	Asp	Val	Arg	Ala	Glu	Asn	Cys	Asp	Ser	Ser	Leu	
			230				235					240				
aat	cga	acc	tac	gcc	atc	tct	tcc	tcg	ctc	atc	agc	ttc	tac	atc	ccc	824
Asn	Arg	Thr	Tyr	Ala	Ile	Ser	Ser	Ser	Leu	Ile	Ser	Phe	Tyr	Ile	Pro	
			245			250					255					
atg	gcc	atc	atg	atc	gtg	acc	tac	acg	cgc	atc	tac	cgc	atc	gcc	cag	872
Met	Ala	Ile	Met	Ile	Val	Thr	Tyr	Thr	Arg	Ile	Tyr	Arg	Ile	Ala	Gln	
					265					270					275	
gtg	cag	atc	cgc	agg	att	tcc	tcc	ctg	gag	agg	gcc	gca	gag	cac	gtg	920
Val	Gln	Ile	Arg	Arg	Ile	Ser	Ser	Leu	Glu	Arg	Ala	Ala	Glu	His	Val	
				280					285					290		
g	agc	tgc	cgg	agc	agc	gca	ggc	tgc	gcg	ccc	gac	acc	agc	ctg	cgg	968
n	Ser	Cys	Arg	Ser	Ser	Ala	Gly	Cys	Ala	Pro	Asp	Thr	Ser	Leu	Arg	
			295					300					305			
ttt	tcc	atc	aag	aag	gag	acc	gag	gtt	ctc	aag	acc	ctg	tcg	gtg	atc	1016
Phe	Ser	Ile	Lys	Lys	Glu	Thr	Glu	Val	Leu	Lys	Thr	Leu	Ser	Val	Ile	
			310				315					320				
atg	ggg	gtc	ttc	gtg	tgt	tgc	tgg	ctg	ccc	ttc	ttc	atc	ctt	aac	tgc	1064
Met	Gly	Val	Phe	Val	Cys	Cys	Trp	Leu	Pro	Phe	Phe	Ile	Leu	Asn	Cys	
			325			330					335					
atg	gtc	cct	ttc	tgc	agt	gga	cac	ccc	aaa	ggc	cct	ccg	gcc	ggc	ttc	1112
Met	Val	Pro	Phe	Cys	Ser	Gly	His	Pro	Lys	Gly	Pro	Pro	Ala	Gly	Phe	
					345					350					355	
ccc	tgc	gtc	agt	gag	acc	aca	ttc	gac	gtc	ttc	atc	tgt	cac	tat	gcc	1160
Pro	Cys	Val	Ser	Glu	Thr	Thr	Phe	Asp	Val	Phe	Ile	Cys	His	Tyr	Ala	
				360					365					370		
ttc	aac	gcc	gac	ttc	cgg	aag	gtg	ttt	gcc	cag	ctg	ctg	ggg	tgc	agc	1208
Phe	Asn	Ala	Asp	Phe	Arg	Lys	Val	Phe	Ala	Gln	Leu	Leu	Gly	Cys	Ser	
			375					380					385			
ac	gtc	tgc	tcc	cgc	acg	ccg	gtg	gag	acg	atg	aac	atc	agc	aat	gag	1256
His	Val	Cys	Ser	Arg	Thr	Pro	Val	Glu	Thr	Met	Asn	Ile	Ser	Asn	Glu	
			390				395					400				
ctc	atc	tcc	tac	aac	caa	gac	acg	gtc	ttc	cac	aag	gaa	atc	gca	gct	1304
Leu	Ile	Ser	Tyr	Asn	Gln	Asp	Thr	Val	Phe	His	Lys	Glu	Ile	Ala	Ala	
						410					415					
gcc	tac	atc	cac	atg	atg	ccc	aac	gcc	gtt	ccc	ccc	ggg	gac	cgg	gag	1352
Ala	Tyr	Ile	His	Met	Met	Pro	Asn	Ala	Val	Pro	Pro	Gly	Asp	Arg	Glu	
					425					430					435	
gtg	gac	aac	gat	gag	gag	aag	gag	agt	cct	ttc	gat	cgc	atg	tcc	cag	1400
Val	Asp	Asn	Asp	Glu	Glu	Lys	Glu	Ser	Pro	Phe	Asp	Arg	Met	Ser	Gln	
				440				445						450		
atc	tat	cag	aca	tcc	cca	gat	ggt	gac	cct	gtt	gca	gag	tct	gtc	tga	1448
Ile	Tyr	Gln	Thr	Ser	Pro	Asp	Gly	Asp	Pro	Val	Ala	Glu	Ser	Val		
			455					460					465			

08.10.04

XP.S.T25.txt

<210> 14
<211> 466
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 14

Met His Leu Lys Leu Phe Leu Ala Asp Thr Ala Ala Val Ala Ala Met
1 5 10 15

Trp Arg Ala Ala Asp Ser Arg Glu Gln Pro Trp Leu Ser Ala Gly Thr
20 25 30

Ser Arg Phe Leu Cys Pro Ser Arg Arg Leu Glu Gly Arg Thr Thr Ala
35 40 45

Thr Glu Pro Glu Ala Leu Gln Glu Ala Arg Glu Val Pro Ala Arg Ser
50 55 60

Asp Thr Arg Arg Ser Ser Trp Ser Asn Gly Thr Ala Tyr Pro Gly Gln
65 70 75 80

Leu Ala Leu Tyr Gln Gln Leu Ala Gln Gly Asn Ala Val Gly Gly Ser
85 90 95

Ala Gly Ala Pro Pro Leu Gly Pro Val Gln Val Val Thr Ala Cys Leu
100 105 110

Leu Ala Leu Leu Ile Ile Trp Thr Leu Leu Gly Asn Val Leu Val Ser
115 120 125

Ala Ala Ile Val Arg Ser Arg His Leu Arg Ala Lys Met Thr Asn Val
130 135 140

Phe Ile Val Ser Leu Pro Val Ser Asp Leu Phe Val Ala Leu Leu Val
145 150 155 160

Met Ser Trp Lys Ala Val Ala Glu Val Ala Gly Tyr Trp Pro Phe Glu
165 170 175

Ala Phe Cys Asp Val Trp Val Ala Phe Asp Ile Met Cys Ser Thr Ala
180 185 190

Ser Ile Leu Asn Leu Cys Val Ile Ser Val Ala Arg Tyr Trp Ala Ile
195 200 205

Ser Arg Pro Phe Arg Tyr Glu Arg Lys Met Thr Gln Arg Met Ala Leu
210 215 220

Val Met Glu Ala Val Trp Glu Pro Asp Val Arg Ala Glu Asn Cys Asp
225 230 235 240

Ser Ser Leu Asn Arg Thr Tyr Ala Ile Ser Ser Ser Leu Ile Ser Phe
Seite 18

05.10.04

XP_S.ST25.txt
250

245

255

Tyr Ile Pro Met Ala Ile Met Ile Val Thr Tyr Thr Arg Ile Tyr Arg
260 265 270

Ile Ala Gln Val Gln Ile Arg Arg Ile Ser Ser Leu Glu Arg Ala Ala
275 280 285

Glu His Val Gln Ser Cys Arg Ser Ser Ala Gly Cys Ala Pro Asp Thr
290 295 300

Ser Leu Arg Phe Ser Ile Lys Lys Glu Thr Glu Val Leu Lys Thr Leu
305 310 315 320

Ser Val Ile Met Gly Val Phe Val Cys Cys Trp Leu Pro Phe Phe Ile
325 330 335

Asn Cys Met Val Pro Phe Cys Ser Gly His Pro Lys Gly Pro Pro
340 345 350

Ala Gly Phe Pro Cys Val Ser Glu Thr Thr Phe Asp Val Phe Ile Cys
355 360 365

His Tyr Ala Phe Asn Ala Asp Phe Arg Lys Val Phe Ala Gln Leu Leu
370 375 380

Gly Cys Ser His Val Cys Ser Arg Thr Pro Val Glu Thr Met Asn Ile
385 390 395 400

Ser Asn Glu Leu Ile Ser Tyr Asn Gln Asp Thr Val Phe His Lys Glu
405 410 415

Ile Ala Ala Ala Tyr Ile His Met Met Pro Asn Ala Val Pro Pro Gly
420 425 430

Asp Arg Glu Val Asp Asn Asp Glu Glu Lys Glu Ser Pro Phe Asp Arg
435 440 445

Met Ser Gln Ile Tyr Gln Thr Ser Pro Asp Gly Asp Pro Val Ala Glu
450 455 460

Ser Val
465

<210> 15
<211> 700
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (89)..(700)
<223>

05.10.04

XPs.ST25.txt

```

<400> 15
ggtttactgg gtttctgggt tccagaaggg gaaattctct tcaaggtaca gaaaccacaa      60
ctctgcagag aaccgcagag atggcagc atg acc aga ccc cga gtc cag aag      112
                               Met Thr Arg Pro Arg Val Gln Lys
                               1                               5

aag gcc ttg gac aga ata gag act agg ttc cat ggg atg gga cag att      160
Lys Ala Leu Asp Arg Ile Glu Thr Arg Phe His Gly Met Gly Gln Ile
10                               15                               20

ttg gga aag atc atg acc agc cat caa cca cac ctc cag gat gag gag      208
Leu Gly Lys Ile Met Thr Ser His Gln Pro His Leu Gln Asp Glu Glu
25                               30                               35                               40

cag agc ccc cag ccc agc gcc tcg ggg tac ccc ctc cag gag gtg gtg      256
Gln Ser Pro Gln Pro Ser Ala Ser Gly Tyr Pro Leu Gln Glu Val Val
45                               50                               55

gat gat gac atg tca gga cca tca gag gat cct gtc gtt aaa aga ctc      304
Asp Asp Asp Met Ser Gly Pro Ser Glu Asp Pro Val Val Lys Arg Leu
60                               65                               70

gag gtc tgg gac aaa gat ctg agg gtg tcg gac aaa tat ctc ctg gct      352
Leu Val Trp Asp Lys Asp Leu Arg Val Ser Asp Lys Tyr Leu Leu Ala
75                               80                               85

atg gtc ata gcg tat tct agc ccg gcc agc ctc ttc tcc tgg caa tac      400
Met Val Ile Ala Tyr Ser Ser Pro Ala Ser Leu Phe Ser Trp Gln Tyr
90                               95                               100

caa cgc att cat ttc ttc ctg gct ctc tac ctg acc aat gac atg gag      448
Gln Arg Ile His Phe Phe Leu Ala Leu Tyr Leu Thr Asn Asp Met Glu
105                               110                               115                               120

gag gac agc gag acc ccc aaa caa aac atc ttc tac ttc ctg tac ggg      496
Glu Asp Ser Glu Thr Pro Lys Gln Asn Ile Phe Tyr Phe Leu Tyr Gly
125                               130                               135

aag aac tgc tct cag ata gcc ttg tcc cac aag ctt tgg ttc cag ttc      544
Lys Asn Cys Ser Gln Ile Ala Leu Ser His Lys Leu Trp Phe Gln Phe
140                               145                               150

ttc cat tcc gtg cgc tgc agg gct tgg gtt ttc ccg gag gag ttg gag      592
Phe His Ser Val Arg Cys Arg Ala Trp Val Phe Pro Glu Glu Leu Glu
155                               160                               165

gag aat gct ggg ccc agg gga gat gcg gat ttt cat cag gaa ctt tat      640
Glu Asn Ala Gly Pro Arg Gly Asp Ala Asp Phe His Gln Glu Leu Tyr
170                               175                               180

tcc aat gct aat ggc agg cac cag gaa gaa gga gag gag cca ttt gtg      688
Ser Asn Ala Asn Gly Arg His Gln Glu Glu Gly Glu Glu Pro Phe Val
185                               190                               195                               200

cag atc atc tag      700
Gln Ile Ile

```

```

<210> 16
<211> 203
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 16

```

05.10.04

XP_S.ST25.txt

Met Thr Arg Pro Arg Val Gln Lys Lys Ala Leu Asp Arg Ile Glu Thr
1 5 10 15

Arg Phe His Gly Met Gly Gln Ile Leu Gly Lys Ile Met Thr Ser His
20 25 30

Gln Pro His Leu Gln Asp Glu Glu Gln Ser Pro Gln Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Gly Tyr Pro Leu Gln Glu Val Val Asp Asp Asp Met Ser Gly Pro Ser
50 55 60

Glu Asp Pro Val Val Lys Arg Leu Leu Val Trp Asp Lys Asp Leu Arg
65 70 75 80

Val Ser Asp Lys Tyr Leu Leu Ala Met Val Ile Ala Tyr Ser Ser Pro
85 90 95

Val Ser Leu Phe Ser Trp Gln Tyr Gln Arg Ile His Phe Phe Leu Ala
100 105 110

Leu Tyr Leu Thr Asn Asp Met Glu Glu Asp Ser Glu Thr Pro Lys Gln
115 120 125

Asn Ile Phe Tyr Phe Leu Tyr Gly Lys Asn Cys Ser Gln Ile Ala Leu
130 135 140

Ser His Lys Leu Trp Phe Gln Phe Phe His Ser Val Arg Cys Arg Ala
145 150 155 160

Trp Val Phe Pro Glu Glu Leu Glu Glu Asn Ala Gly Pro Arg Gly Asp
165 170 175

Ala Asp Phe His Gln Glu Leu Tyr Ser Asn Ala Asn Gly Arg His Gln
180 185 190

Glu Glu Gly Glu Glu Pro Phe Val Gln Ile Ile
195 200

<210> 17
<211> 1083
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (739)..(1032)
<223>

<400> 17
agcacctgca gggccgacca gctccagtcc cagggtccaat cctgagtggc caaaagccgg 60
aaacccggag ttggaattgg atcttgacaca agctggacca cccctcagaa tctaggatag 120
cacctggcac acatggtgag cactcacttc atggctgtcg gataaacaat ggagcaagga 180
Seite 21

05-10-04

XP.s.ST25.txt

```

aggtggagat ggatgcttac acatggggaa ttgtatcagg aaggagtgta tgtgtgatta 240
aaacctgttc tacataaata gaaaagttga tcattcaaca catggacggc taagactata 300
tgcagactat ccattctcag gaagaaaagg gaagcaatct acctgacttc cccaaatgga 360
ttccgtatatt tgatatgaat tgttatcatg tgggaaatgc gatggcctcc aggtatacta 420
cctcagagat cagtgagcag aaaagctcac agatcaaatt aaaatgcttg aatctcttag 480
tttattttaaa tcaattttaaa gagacagtga aaagcaagag gaaagagatg ggataagtaa 540
acgctgtcaa gagacggtgc aaatctgggtg gaagatgcct gctacctaaa gcctacctca 600
tacaatgttc agggggccacc atccccacc tgccccaacc tccaccctc tctgtgatat 660
tgactttcct gtggatcgtg gtgctgaaga cgacagggtt gagcaaggag actcaaagag 720
gcaagggtgcc ccacgcc  atg aca caa act tgc tct gtc cga gat gca ggt 771
                      Met Thr Gln Thr Cys Ser Val Arg Asp Ala Gly
                      1          5          10
ca agc aag cct agc aaa gag ctg agc ttt gcc tgt tgg cct gtg gag 819
Thr Ser Lys Pro Ser Lys Glu Leu Ser Phe Ala Cys Trp Pro Val Glu
15          20          25
caa cca tgg gtt tta ctg tgt ttc ttg gac aga gga cac ttg ggg aca 867
Gln Pro Trp Val Leu Leu Cys Phe Leu Asp Arg Gly His Leu Gly Thr
30          35          40
gaa gtg aat agc atg act att tca tgc tta tgt ata ttt tat gca ctg 915
Glu Val Asn Ser Met Thr Ile Ser Cys Leu Cys Ile Phe Tyr Ala Leu
45          50          55
tat tta gtg cct ctt gga cat tta atg tat caa ata ttt cat gct cag 963
Tyr Leu Val Pro Leu Gly His Leu Met Tyr Gln Ile Phe His Ala Gln
60          65          70          75
gtg tct cat gta tac ttg gta gct agg aat gtt agg tat cct gga ctt 1011
Val Ser His Val Tyr Leu Val Ala Arg Asn Val Arg Tyr Pro Gly Leu
80          85          90
tct att cct ttc tgt gtc taa cacatgttct acttactact taacacatct 1062
Ser Ile Pro Phe Cys Val
95
ataaaaatct gcctatgttt t 1083

```

<210> 18
 <211> 97
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 18

```

Met Thr Gln Thr Cys Ser Val Arg Asp Ala Gly Thr Ser Lys Pro Ser
1          5          10
Lys Glu Leu Ser Phe Ala Cys Trp Pro Val Glu Gln Pro Trp Val Leu
20          25          30
Leu Cys Phe Leu Asp Arg Gly His Leu Gly Thr Glu Val Asn Ser Met
35          40          45

```

05.10.04

XP.S.T25.txt

Thr Ile Ser Cys Leu Cys Ile Phe Tyr Ala Leu Tyr Leu Val Pro Leu
50 55 60

Gly His Leu Met Tyr Gln Ile Phe His Ala Gln Val Ser His Val Tyr
65 70 75 80

Leu Val Ala Arg Asn Val Arg Tyr Pro Gly Leu Ser Ile Pro Phe Cys
85 90 95

val

<210> 19
<211> 803
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (93)..(803)
<223>

<400> 19
ctagttttgt cttttatgtc actggtgggt ctctgtccaa aagagcacga caggacaaaa 60

taattgtgct ctgtgaacga cacactttga tc atg cag atg gga gaa agc tgt 113
Met Gln Met Gly Glu Ser Cys
1 5

aga tct agg acc atg tgt acc agc ttg acc act tgt gag tgg aag aaa 161
Arg Ser Arg Thr Met Cys Thr Ser Leu Thr Thr Cys Glu Trp Lys Lys
10 15 20

gtc ttc tat gag aag atg gag gtg gca aag cca gcg gac agc tgg gag 209
Val Phe Tyr Glu Lys Met Glu Val Ala Lys Pro Ala Asp Ser Trp Glu
25 30 35

ctc atc ata gac ccc aac ctc aag ccc agt gag ctg gcc cct ggc tgg 257
Leu Ile Ile Asp Pro Asn Leu Lys Pro Ser Glu Leu Ala Pro Gly Trp
40 45 50 55

ag cag tac ctg gag cag cac gcc tca ggc agg ttc cac tgc tcc tgg 305
Cys Gln Tyr Leu Glu Gln His Ala Ser Gly Arg Phe His Cys Ser Trp
60 65 70

tgc tgg cac acc tgg cag tct gcc cat gtg gtc atc ctc ttc cac atg 353
Cys Trp His Thr Trp Gln Ser Ala His Val Val Ile Leu Phe His Met
75 80 85

ttc ctg gac cgc gcc cag cgg gcg ggc tcg gtg cgc atg cgc gtc ttc 401
Phe Leu Asp Arg Ala Gln Arg Ala Gly Ser Val Arg Met Arg Val Phe
90 95 100

aag cag ctg tgc tat gag tgc ggc acg gcg cgg ctg gac gag tcc agc 449
Lys Gln Leu Cys Tyr Glu Cys Gly Thr Ala Arg Leu Asp Glu Ser Ser
105 110 115

atg ctg gag gag aac atc gag ggc ctg gtg gac aac ctc atc acc agc 497
Met Leu Glu Glu Asn Ile Glu Gly Leu Val Asp Asn Leu Ile Thr Ser
120 125 130 135

ctg cgc gag cag tgc tac gag gag gat ggt ggc cag tac cgc atc cac 545
Leu Arg Glu Gln Cys Tyr Glu Glu Asp Gly Gly Gln Tyr Arg Ile His

05.10.04

XPs.ST25.txt
145

140

150

gtg	gcc	agc	cgc	ccg	gac	agc	ggg	ccg	cat	cgt	gca	gag	ttc	tgt	gag	593
Val	Ala	Ser	Arg	Pro	Asp	Ser	Gly	Pro	His	Arg	Ala	Glu	Phe	Cys	Glu	
			155					160					165			
gcc	tgc	cag	gag	ggc	atc	gtt	cac	tgg	aag	ccc	agc	gag	aag	ctg	ctg	641
Ala	Cys	Gln	Glu	Gly	Ile	Val	His	Trp	Lys	Pro	Ser	Glu	Lys	Leu	Leu	
		170					175					180				
gag	gag	gag	gtg	acc	acc	tac	acc	tct	gaa	gcc	tcc	aag	ccg	agg	gcc	689
Glu	Glu	Glu	Val	Thr	Thr	Tyr	Thr	Ser	Glu	Ala	Ser	Lys	Pro	Arg	Ala	
	185					190					195					
cag	gcg	gga	tcc	ggc	tac	aac	ttc	ttg	tct	ctt	cgc	tgg	tgc	ctc	ttc	737
Gln	Ala	Gly	Ser	Gly	Tyr	Asn	Phe	Leu	Ser	Leu	Arg	Trp	Cys	Leu	Phe	
200					205					210					215	
tgg	gcc	tct	ctc	tgc	ctg	ctc	gtt	gtt	tac	ctg	cag	ttc	tcc	ttc	ctc	785
Trp	Ala	Ser	Leu	Cys	Leu	Leu	Val	Val	Tyr	Leu	Gln	Phe	Ser	Phe	Leu	
				220					225					230		
agt	cct	gcc	ttc	ttt	tag											803
er	Pro	Ala	Phe	Phe												
			235													

<210> 20
<211> 236
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 20

Met Gln Met Gly Glu Ser Cys Arg Ser Arg Thr Met Cys Thr Ser Leu
1 5 10 15

Thr Thr Cys Glu Trp Lys Lys Val Phe Tyr Glu Lys Met Glu Val Ala
20 25 30

Lys Pro Ala Asp Ser Trp Glu Leu Ile Ile Asp Pro Asn Leu Lys Pro
35 40 45

er Glu Leu Ala Pro Gly Trp Lys Gln Tyr Leu Glu Gln His Ala Ser
50 55 60

Gly Arg Phe His Cys Ser Trp Cys Trp His Thr Trp Gln Ser Ala His
65 70 75 80

val val ile leu phe his met phe leu asp arg ala gln arg ala gly
85 90 95

Ser val Arg Met Arg val Phe Lys Gln Leu Cys Tyr Glu Cys Gly Thr
100 105 110

Ala Arg Leu Asp Glu Ser Ser Met Leu Glu Glu Asn ile Glu Gly Leu
115 120 125

Val Asp Asn Leu ile Thr Ser Leu Arg Glu Gln Cys Tyr Glu Glu Asp
130 135 140

Gly Gly Gln Tyr Arg Ile His Val Ala Ser Arg Pro Asp Ser Gly Pro
145 150 155 160

His Arg Ala Glu Phe Cys Glu Ala Cys Gln Glu Gly Ile Val His Trp
165 170 175

Lys Pro Ser Glu Lys Leu Leu Glu Glu Glu Val Thr Thr Tyr Thr Ser
180 185 190

Glu Ala Ser Lys Pro Arg Ala Gln Ala Gly Ser Gly Tyr Asn Phe Leu
195 200 205

Ser Leu Arg Trp Cys Leu Phe Trp Ala Ser Leu Cys Leu Leu Val Val
210 215 220

Tyr Leu Gln Phe Ser Phe Leu Ser Pro Ala Phe Phe
225 230 235

<210> 21
<211> 951
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(951)
<223>

<400> 21
atg gag ctg gac tgt gta gaa caa ata act aga gaa aca aag aga aaa 48
Met Glu Leu Asp Cys Val Glu Gln Ile Thr Arg Glu Thr Lys Arg Lys
1 5 10 15

gtc tgt gca tct gtt ttt tac tgg ctc tac act ttc tta agt ttt gcc 96
Val Cys Ala Ser Val Phe Tyr Trp Leu Tyr Thr Phe Leu Ser Phe Ala
20 25 30

atc atc atg gaa ctg tca gcc agc aca ctg aaa cga ttc tca gaa aac 144
Ile Met Glu Leu Ser Ala Ser Thr Leu Lys Arg Phe Ser Glu Asn
35 40 45

aaa ggc atc acc aag ttc tca ggg ttt tgg tac aga ttg aag gcc aac 192
Lys Gly Ile Thr Lys Phe Ser Gly Phe Trp Tyr Arg Leu Lys Ala Asn
50 55 60

aga cct cag act cat ttt gaa att ctt agc tgg gca ata acc ctt cat 240
Arg Pro Gln Thr His Phe Glu Ile Leu Ser Trp Ala Ile Thr Leu His
65 70 75 80

aag cag tca ctt gac agt tgt tgc tgt gtt gaa cac ttg ctc ccg tct 288
Lys Gln Ser Leu Asp Ser Cys Cys Cys Val Glu His Leu Leu Pro Ser
85 90 95

act tac ttc tct ata atc cac tgc ttg ggg aca gtc gct atc agt tgg 336
Thr Tyr Phe Ser Ile Ile His Cys Leu Gly Thr Val Ala Ile Ser Trp
100 105 110

gtg gtt ttg gcc tct gag cag cta ctg agg ggc tcc tac agc act gtg 384
Val Val Leu Ala Ser Glu Gln Leu Leu Arg Gly Ser Tyr Ser Thr Val
115 120 125

05.10.04

XPs.ST25.txt

ggc ttc ttg ggt gcc aag agg cag acc aca ggc cct ctt gag gag gat Gly Phe Leu Gly Ala Lys Arg Gln Thr Thr Gly Pro Leu Glu Glu Asp 130 135 140	432
tct atg ttc aag tgc aga aag ggc cca atc tgg tgg atg aac cac atg Ser Met Phe Lys Cys Arg Lys Gly Pro Ile Trp Trp Met Asn His Met 145 150 155 160	480
gcc agc ttc tgg gtg cag gca cag tgc cac atc ttc cat cac ttc ctg Ala Ser Phe Trp Val Gln Ala Gln Cys His Ile Phe His His Phe Leu 165 170 175	528
atg tgc cac acc agc act gaa gag aca gcc tgg aga cag ggc aag agg Met Cys His Thr Ser Thr Glu Glu Thr Ala Trp Arg Gln Gly Lys Arg 180 185 190	576
aat gct gag aag gat gag atg gag tgg gag agc aag att gac agc ttc Asn Ala Glu Lys Asp Glu Met Glu Trp Glu Ser Lys Ile Asp Ser Phe 195 200 205	624
aaa tgc ttc acc aag aag atg aac aac agg gca ctc ggc tca act tca Lys Cys Phe Thr Lys Lys Met Asn Asn Arg Ala Leu Gly Ser Thr Ser 210 215 220	672
cag cca atg aat gcc ttc aac act gtc agt gag ctc ttt gcc aat cat Gln Pro Met Asn Ala Phe Asn Thr Val Ser Glu Leu Phe Ala Asn His 225 230 235 240	720
ccc agg cag aac ctg gac cca gtc atg gac ctg tta gtg ctg tct cag Pro Arg Gln Asn Leu Asp Pro Val Met Asp Leu Leu Val Leu Ser Gln 245 250 255	768
gga cac cag acc aac atc ctg aac atc atc cac ata cac aag caa gtt Gly His Gln Thr Asn Ile Leu Asn Ile Ile His Ile His Lys Gln Val 260 265 270	816
ctt acc aaa gtc gcg gag gac agg caa cat gtg gca gaa ggg aag ata Leu Thr Lys Val Ala Glu Asp Arg Gln His Val Ala Glu Gly Lys Ile 275 280 285	864
gag atg cag agg ctg atg aca cca gaa tca cag gaa cag gaa ttc ttt Glu Met Gln Arg Leu Met Thr Pro Glu Ser Gln Glu Gln Glu Phe Phe 290 295 300	912
cac cac ttc atg gaa att cac cac ttc cat cca att tga His His Phe Met Glu Ile His His Phe His Pro Ile 305 310 315	951

<210> 22
<211> 316
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 22

Met Glu Leu Asp Cys Val Glu Gln Ile Thr Arg Glu Thr Lys Arg Lys
1 5 10 15

Val Cys Ala Ser Val Phe Tyr Trp Leu Tyr Thr Phe Leu Ser Phe Ala
20 25 30

Ile Ile Met Glu Leu Ser Ala Ser Thr Leu Lys Arg Phe Ser Glu Asn
35 40 45

05.10.04

XPSt25.txt

Lys Gly Ile Thr Lys Phe Ser Gly Phe Trp Tyr Arg Leu Lys Ala Asn
50 55 60

Arg Pro Gln Thr His Phe Glu Ile Leu Ser Trp Ala Ile Thr Leu His
65 70 75 80

Lys Gln Ser Leu Asp Ser Cys Cys Cys Val Glu His Leu Leu Pro Ser
85 90 95

Thr Tyr Phe Ser Ile Ile His Cys Leu Gly Thr Val Ala Ile Ser Trp
100 105 110

Val Val Leu Ala Ser Glu Gln Leu Leu Arg Gly Ser Tyr Ser Thr Val
115 120 125

Gly Phe Leu Gly Ala Lys Arg Gln Thr Thr Gly Pro Leu Glu Glu Asp
130 135 140

Ser Met Phe Lys Cys Arg Lys Gly Pro Ile Trp Trp Met Asn His Met
145 150 155 160

Ala Ser Phe Trp Val Gln Ala Gln Cys His Ile Phe His His Phe Leu
165 170 175

Met Cys His Thr Ser Thr Glu Glu Thr Ala Trp Arg Gln Gly Lys Arg
180 185 190

Asn Ala Glu Lys Asp Glu Met Glu Trp Glu Ser Lys Ile Asp Ser Phe
195 200 205

Lys Cys Phe Thr Lys Lys Met Asn Asn Arg Ala Leu Gly Ser Thr Ser
210 215 220

Ile Pro Met Asn Ala Phe Asn Thr Val Ser Glu Leu Phe Ala Asn His
225 230 235 240

Pro Arg Gln Asn Leu Asp Pro Val Met Asp Leu Leu Val Leu Ser Gln
245 250 255

Gly His Gln Thr Asn Ile Leu Asn Ile Ile His Ile His Lys Gln Val
260 265 270

Leu Thr Lys Val Ala Glu Asp Arg Gln His Val Ala Glu Gly Lys Ile
275 280 285

Glu Met Gln Arg Leu Met Thr Pro Glu Ser Gln Glu Gln Glu Phe Phe
290 295 300

His His Phe Met Glu Ile His His Phe His Pro Ile
305 310 315

05.10.04

XP_S.ST25.txt

<210> 23
<211> 480
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(480)
<223>

<400> 23
atg ctg cat gtg ctg gcc tcg ctg cct ttg ctg ctc ctg ctg gtg acg 48
Met Leu His Val Leu Ala Ser Leu Pro Leu Leu Leu Leu Val Thr
1 5 10 15

tct gcc tcc acc cac gcc tgg tcg aga ccc ctc tgg tac cag gtg ggg 96
Ser Ala Ser Thr His Ala Trp Ser Arg Pro Leu Trp Tyr Gln Val Gly
20 25 30

ctg gac ttg cag ccc tgg ggg tgt cag cca aag agt gtg gag ggc tgt 144
Leu Asp Leu Gln Pro Trp Gly Cys Gln Pro Lys Ser Val Glu Gly Cys
35 40 45

ggg ggt ggc ctg agc tgt cct ggc tac tgg ctg ggc cct gga gca agc 192
Arg Gly Gly Leu Ser Cys Pro Gly Tyr Trp Leu Gly Pro Gly Ala Ser
50 55 60

cgc atc tac ccc gtg gct gcg gtc atg atc acc acc acg atg ctg atg 240
Arg Ile Tyr Pro Val Ala Ala Val Met Ile Thr Thr Thr Met Leu Met
65 70 75 80

atc tgc cgc aag ata ctg cag ggg cgg cgg cgc tca cag gcc acc aag 288
Ile Cys Arg Lys Ile Leu Gln Gly Arg Arg Arg Ser Gln Ala Thr Lys
85 90 95

ggt gag cat ccg cag gtg acc act gag ccc tgc gga ccc tgg aaa cgg 336
Gly Glu His Pro Gln Val Thr Thr Glu Pro Cys Gly Pro Trp Lys Arg
100 105 110

cgg gcc cca atc tca gac cac acc ctg ctc cgt ggg gtc ctg cac atg 384
Arg Ala Pro Ile Ser Asp His Thr Leu Leu Arg Gly Val Leu His Met
115 120 125

ctg gat gcc ctc ctg gtc cac atc gaa ggc cac cta cgt cat cta gcc 432
Leu Asp Ala Leu Leu Val His Ile Glu Gly His Leu Arg His Leu Ala
130 135 140

acc cag cgg caa atc caa ata aag ggg act tcc acc cag agt ggg tga 480
Thr Gln Arg Gln Ile Gln Ile Lys Gly Thr Ser Thr Gln Ser Gly
145 150 155

<210> 24
<211> 159
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 24

Met Leu His Val Leu Ala Ser Leu Pro Leu Leu Leu Leu Val Thr
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr His Ala Trp Ser Arg Pro Leu Trp Tyr Gln Val Gly
20 25 30

05.10.04

XPs.ST25.txt

Leu Asp Leu Gln Pro Trp Gly Cys Gln Pro Lys Ser Val Glu Gly Cys
35 40 45

Arg Gly Gly Leu Ser Cys Pro Gly Tyr Trp Leu Gly Pro Gly Ala Ser
50 55 60

Arg Ile Tyr Pro Val Ala Ala Val Met Ile Thr Thr Thr Met Leu Met
65 70 75 80

Ile Cys Arg Lys Ile Leu Gln Gly Arg Arg Arg Ser Gln Ala Thr Lys
85 90 95

Gly Glu His Pro Gln Val Thr Thr Glu Pro Cys Gly Pro Trp Lys Arg
100 105 110

Arg Ala Pro Ile Ser Asp His Thr Leu Leu Arg Gly Val Leu His Met
115 120 125

Leu Asp Ala Leu Leu Val His Ile Glu Gly His Leu Arg His Leu Ala
130 135 140

Thr Gln Arg Gln Ile Gln Ile Lys Gly Thr Ser Thr Gln Ser Gly
145 150 155

<210> 25
<211> 807
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(807)
<223>

<400> 25
atg gat aaa gcc att tca cac ttt ggc tac caa gat ata gat atg gtt 48
Met Asp Lys Ala Ile Ser His Phe Gly Tyr Gln Asp Ile Asp Met Val
5 10 15

tt cct tcc ttt cag ggg aca cgg cta tat ctt cac agt ggg cca tgt 96
Ile Pro Ser Phe Gln Gly Thr Arg Leu Tyr Leu His Ser Gly Pro Cys
20 25 30

gaa agt cca cag gga tct tct ggg gga gtg ggc ttt ggg aat ctt acc 144
Glu Ser Pro Gln Gly Ser Ser Gly Gly Val Gly Phe Gly Asn Leu Thr
35 40 45

agc tgc tac cct cag aag tgg cca agc ttc atg aca gat gag atc ttc 192
Ser Cys Tyr Pro Gln Lys Trp Pro Ser Phe Met Thr Asp Glu Ile Phe
50 55 60

ccc gtt tgg aca tac tcc tac ctg gtg ctg ctg ctg ctt gtg ttt gtc 240
Pro Val Trp Thr Tyr Ser Tyr Leu Val Leu Leu Leu Val Phe Val
65 70 75 80

ctc acc gat tac gtc cgc tac aag cca gtc atc atc ttg caa gga gtg 288
Leu Thr Asp Tyr Val Arg Tyr Lys Pro Val Ile Ile Leu Gln Gly Val
85 90 95

aag acc gtg cag gtt gta gag ttc ttc tac ggg atg gtc act gcc gcc 336

05.10.04

XPs.ST25.txt

Lys Thr Val Gln Val Val Glu Phe Phe Tyr Gly Met Val Thr Ala Ala
100 105 110

gag gtg gct tac tac gcc tac ata tac agc gtg gtc agc ccc gag cac 384
Glu Val Ala Tyr Tyr Ala Tyr Ile Tyr Ser Val Val Ser Pro Glu His
115 120 125

tac cag aga gtg agc ggc tac tgc agg agt gtc acg ctg gcc acc tac 432
Tyr Gln Arg Val Ser Gly Tyr Cys Arg Ser Val Thr Leu Ala Thr Tyr
130 135 140

aca gca ggg tcg gtg ctg gcc cga ctc ttg gta tcc ccg gtg aac ctg 480
Thr Ala Gly Ser Val Leu Ala Arg Leu Leu Val Ser Pro Val Asn Leu
145 150 155

ttg tac ttt tac ctc aac gtc ata tcc ttg gcc tct gtc tcc gtg gcc 528
Leu Tyr Phe Tyr Leu Asn Val Ile Ser Leu Ala Ser Val Ser Val Ala
165 170 175

ttc ctt ttc tca cct ttt cta cca atg ccc aaa aag agc atg ttt ttt 576
Phe Leu Phe Ser Pro Phe Leu Pro Met Pro Lys Lys Ser Met Phe Phe
180 185 190

aa tgc aaa acc caa aaa aga aac tcc tca aaa gcc acc agg aga gga 624
Ser Cys Lys Thr Gln Lys Arg Asn Ser Ser Lys Ala Thr Arg Arg Gly
195 200 205

cgc cat ctt aga gga atc tca caa gga tca caa agc agt tca ctc gga 672
Arg His Leu Arg Gly Ile Ser Gln Gly Ser Gln Ser Ser Ser Leu Gly
210 215 220

att att cac tgt ttc agg gga cct gga tgc cag cag tgg ggc acc cca 720
Ile Ile His Cys Phe Arg Gly Pro Gly Cys Gln Gln Trp Gly Thr Pro
225 230 235

aag cca agc aat gtg gct ttg aga gat ttt gtg cag tgg tcc cgg gat 768
Lys Pro Ser Asn Val Ala Leu Arg Asp Phe Val Gln Trp Ser Arg Asp
245 250 255

ttg cag gag tgc tac tcc tcg aag cat ctc ttt tac tga 807
Leu Gln Glu Cys Tyr Ser Ser Lys His Leu Phe Tyr
260 265

<210> 26
<211> 268
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 26

Met Asp Lys Ala Ile Ser His Phe Gly Tyr Gln Asp Ile Asp Met Val
1 5 10 15

Ile Pro Ser Phe Gln Gly Thr Arg Leu Tyr Leu His Ser Gly Pro Cys
20 25 30

Glu Ser Pro Gln Gly Ser Ser Gly Gly Val Gly Phe Gly Asn Leu Thr
35 40 45

Ser Cys Tyr Pro Gln Lys Trp Pro Ser Phe Met Thr Asp Glu Ile Phe
50 55 60

Pro Val Trp Thr Tyr Ser Tyr Leu Val Leu Leu Leu Val Phe Val
Seite 30

05.10.04

XPs.ST25.txt
75

65

70

80

Leu Thr Asp Tyr Val Arg Tyr Lys Pro Val Ile Ile Leu Gln Gly Val
85 90 95

Lys Thr Val Gln Val Val Glu Phe Phe Tyr Gly Met Val Thr Ala Ala
100 105 110

Glu Val Ala Tyr Tyr Ala Tyr Ile Tyr Ser Val Val Ser Pro Glu His
115 120 125

Tyr Gln Arg Val Ser Gly Tyr Cys Arg Ser Val Thr Leu Ala Thr Tyr
130 135 140

Thr Ala Gly Ser Val Leu Ala Arg Leu Leu Val Ser Pro Val Asn Leu
145 150 155 160

Val Tyr Phe Tyr Leu Asn Val Ile Ser Leu Ala Ser Val Ser Val Ala
165 170 175

Phe Leu Phe Ser Pro Phe Leu Pro Met Pro Lys Lys Ser Met Phe Phe
180 185 190

Ser Cys Lys Thr Gln Lys Arg Asn Ser Ser Lys Ala Thr Arg Arg Gly
195 200 205

Arg His Leu Arg Gly Ile Ser Gln Gly Ser Gln Ser Ser Ser Leu Gly
210 215 220

Ile Ile His Cys Phe Arg Gly Pro Gly Cys Gln Gln Trp Gly Thr Pro
225 230 235 240

Lys Pro Ser Asn Val Ala Leu Arg Asp Phe Val Gln Trp Ser Arg Asp
245 250 255

Leu Gln Glu Cys Tyr Ser Ser Lys His Leu Phe Tyr
260 265

<210> 27
<211> 279
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(279)
<223>

<400> 27
atg tat gta aaa att gca aaa cat ctc aat gat gtt tat gcc ccc cag
Met Tyr Val Lys Ile Ala Lys His Leu Asn Asp Val Tyr Ala Pro Gln
1 5 10

48

aag gta ctg tgt cac ggg atc tca tat att ctg gct gtc att gtc ata
Lys Val Leu Cys His Gly Ile Ser Tyr Ile Leu Ala Val Ile Val Ile
Seite 31

96

05.10.04

XPs.ST25.txt

20

25

30

ata agc cac tct tgg tca tat gga aaa gca ttc agc tgc tcc ctg cct 144
 ile Ser His Ser Trp Ser Tyr Gly Lys Ala Phe Ser Cys Ser Leu Pro
 35 40 45
 ttg ctc aca gcg tgt ggt act ctc tta gaa gct att cct gtc cta ttt 192
 Leu Leu Thr Ala Cys Gly Thr Leu Leu Glu Ala Ile Pro Val Leu Phe
 50 55 60
 agg cag tta ttc ctg ctt ctt gtg ttg gac ctg aag tca aca ggg cca 240
 Arg Gln Leu Phe Leu Leu Leu Val Leu Asp Leu Lys Ser Thr Gly Pro
 65 70 75 80
 gca ata gag aag aaa gat gat gtg aag gag agc aac tga 279
 Ala Ile Glu Lys Lys Asp Asp Val Lys Glu Ser Asn
 85 90

<210> 28
 <211> 92
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 28

Met Tyr Val Lys Ile Ala Lys His Leu Asn Asp Val Tyr Ala Pro Gln
 1 5 10 15

Lys Val Leu Cys His Gly Ile Ser Tyr Ile Leu Ala Val Ile Val Ile
 20 25 30

Ile Ser His Ser Trp Ser Tyr Gly Lys Ala Phe Ser Cys Ser Leu Pro
 35 40 45

Leu Leu Thr Ala Cys Gly Thr Leu Leu Glu Ala Ile Pro Val Leu Phe
 50 55 60

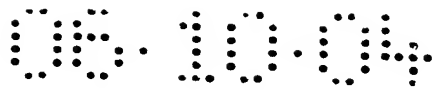
Arg Gln Leu Phe Leu Leu Leu Val Leu Asp Leu Lys Ser Thr Gly Pro
 65 70 75 80

a Ile Glu Lys Lys Asp Asp Val Lys Glu Ser Asn
 85 90

<210> 29
 <211> 1842
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (544)..(840)
 <223>

<400> 29
 gctcctggca aagactcggg ccttctggaa tcttgtaacg gttctaacag ctgggtgcgg 60
 gtggagctgc gggcgatcgc cagctcgagt gcagattcct tgctgtgacc gaggttcaga 120
 gtgagctctg tcggtgtgtc agtttgcttc ttcaggccca gtggagcagg cagcaagtaa 180
 aggaggagct ggccacctgg ctgcgaccat tgacactgcc tgagctacag cgctgcctgg 240
 seite 32



XPs.ST25.txt

gcattgttgg tgctcaggtg gccctagaag aggctgtgtg gctggatgga cttagtctcc 300
ttcccttggc actggcagcg gacatccctg tacggtatga aagcagtgac actgacaatg 360
cagaggtgga gcctgttggga agaaaagaga ccaggtctca gcttgactat gaagttccca 420
gggaaaaggc cttccaaaag agcagcaccg gcttttcacc tgagacttcc ttcctggata 480
gccaggtgat gactgctctg aagatggaga gatacctgaa gaagatccac ttcctctatc 540
tca atg tgg ctc cca gcc ggt act tta ggt gat agc cta tgt cca ggc 588
Met Trp Leu Pro Ala Gly Thr Leu Gly Asp Ser Leu Cys Pro Gly
1 5 10 15
ccc ttc tcc tcc ccc tgc ctg gtt tcc ttc tat gct atc ttc ccc ctc 636
Pro Phe Ser Ser Pro Cys Leu Val Ser Phe Tyr Ala Ile Phe Pro Leu
20 25 30
ctc ttt ctc cac gtg cgc acc ctt ctc cct gtc ctt tct cca cat act 684
Leu Phe Leu His Val Arg Thr Leu Leu Pro Val Leu Ser Pro His Thr
35 40 45
t cct ctg act cta gtg tcc ctc tct ctt ccc ttc tcc tca gcc tcc 732
Pro Pro Leu Thr Leu Val Ser Leu Ser Leu Pro Phe Ser Ser Ala Ser
50 55 60
tcc tcc ttt cca ctc tct acc tcc cct tca ctc cct gtt gct tac aca 780
Ser Ser Phe Pro Leu Ser Thr Ser Pro Ser Leu Pro Val Ala Tyr Thr
65 70 75
gcc ttt tgt ctt aca cat cct ttt ctc aca ttt tgc tct ttc ttt ttt 828
Ala Phe Cys Leu Thr His Pro Phe Leu Thr Phe Cys Ser Phe Phe Phe
80 85 90 95
att cta tcc tag aatgatagaa acatttggtc acagccttag aagtaaattt 880
Ile Leu Ser
tatggtgatac tattccaact ccaatggaag aaacatgtgt ttgtttaaat ctttacagtg 940
tcaggaaaat tttttccag gtatcttggt ccttagactg aatcaaaatc tgcattcttt 1000
taacttctac ctctggctc tagtttatct atggggctat aaaaacaggt ctctccttc 1060
tcatgactc aagagacatt tattcacttc ctctcattag atccaaatca cacctacttt 1120
caaaaatttc ttcttattat tttgaagcaa gggctcactc tgtcaccag gctggagtgc 1180
agtggcaciaa tcatggctca ctgcagtctc aatctctctg gctcaagcaa tcctctcact 1240
tcagcctcct gagtagctgg gattacaggc atgaatcacc acactcggcc agttttctaa 1300
aatttatttt ttgtagaatg aggtctcact gtgttgccag gctggtctca aactcctggg 1360
ttcaagcctc agcctgccaa attgccagaa ttacaggcat gagccacat gcctggctca 1420
aatcctcgcc tattttaaaa agccctattc aagtccatct cctcccagaa ataattgtaa 1480
taattgcctt taaccaaact cttcaatata ttaggcattg tgctaataaa ctcatgacat 1540
gtgttactta atcctcatct accaggtagg tgctattatt atttctatat atgagatgag 1600
tggactgata cataagagag gttaagtaat ttatccaaag ctacataata aatgggtgtaa 1660
ctaggattta aacctaggac tatcttaatc caaaagttca tgctcttaag cagtatctaa 1720
tacagcctcc caaataacct tatttctgt gcacactgat ctcttgaact taggtagcac 1780

05.10.04

XP.ST25.txt

taatgatcaa tatcattcat tcatttactg atcaattcat ttaataaatg ttcactgaga 1840
gc 1842

<210> 30
<211> 98
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 30

Met Trp Leu Pro Ala Gly Thr Leu Gly Asp Ser Leu Cys Pro Gly Pro
1 5 10 15

Phe Ser Ser Pro Cys Leu Val Ser Phe Tyr Ala Ile Phe Pro Leu Leu
20 25 30

Phe Leu His Val Arg Thr Leu Leu Pro Val Leu Ser Pro His Thr Pro
35 40 45

Pro Leu Thr Leu Val Ser Leu Ser Leu Pro Phe Ser Ser Ala Ser Ser
50 55 60

Ser Phe Pro Leu Ser Thr Ser Pro Ser Leu Pro Val Ala Tyr Thr Ala
65 70 75 80

Phe Cys Leu Thr His Pro Phe Leu Thr Phe Cys Ser Phe Phe Phe Ile
85 90 95

Leu Ser

<210> 31
<211> 1365
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1365)
<223>

<400> 31
atg gtt ctc ctc atc tac ctg gat acc cag ctc cac acc ccc atg tac 48
Met Val Leu Leu Ile Tyr Leu Asp Thr Gln Leu His Thr Pro Met Tyr
1 5 10 15

ttc ctc ctc agc caa ctg tcc ctc atg gac ctc atg ctc atc tgc acc 96
Phe Leu Leu Ser Gln Leu Ser Leu Met Asp Leu Met Leu Ile Cys Thr
20 25 30

act gta ccc aag atg gcc ttc aac tac ttg tct ggc agc aag tcc att 144
Thr Val Pro Lys Met Ala Phe Asn Tyr Leu Ser Gly Ser Lys Ser Ile
35 40 45

tct atg gct ggc tgt gcc aca caa att ttc ttc tat ata tca ttg ctt 192
Ser Met Ala Gly Cys Ala Thr Gln Ile Phe Phe Tyr Ile Ser Leu Leu
50 55 60

05.10.04

XPs.ST25.txt

ggc tcc gaa tgc ttt ctg ttg gct gtt atg tct tat gac cgc tac act Gly Ser Glu Cys Phe Leu Leu Ala Val Met Ser Tyr Asp Arg Tyr Thr 65 70 75 80	240
gcc att tgc cac cct cta aga tac acc aat ctc atg aga ccc aaa att Ala Ile Cys His Pro Leu Arg Tyr Thr Asn Leu Met Arg Pro Lys Ile 85 90 95	288
tgt gga ctt atg act gcc ttc tcc tgg atc ctg ggc tct aca gat gga Cys Gly Leu Met Thr Ala Phe Ser Trp Ile Leu Gly Ser Thr Asp Gly 100 105 110	336
atc att gat gct gta gcg aca ttt tcc ttc tcc tac tgt ggg tct cgg Ile Ile Asp Ala Val Ala Thr Phe Ser Phe Ser Tyr Cys Gly Ser Arg 115 120 125	384
gaa ata gcc cac ttc tgc tgt gac ttc cct tcc cta cta atc ctc tca Glu Ile Ala His Phe Cys Cys Asp Phe Pro Ser Leu Leu Ile Leu Ser 130 135 140	432
tgc aat gac aca tca ata ttt gaa gag gtt att ttc atc tgc tgt ata Cys Asn Asp Thr Ser Ile Phe Glu Glu Val Ile Phe Ile Cys Cys Ile 145 150 155 160	480
gaa atg ctt gtt ttc cct gtt gca atc atc atc act tcc tat gct cga Val Met Leu Val Phe Pro Val Ala Ile Ile Ile Thr Ser Tyr Ala Arg 165 170 175	528
gtt att ctg gct gtc att cac atg gga tct gga gag gga cgt cgc aaa Val Ile Leu Ala Val Ile His Met Gly Ser Gly Glu Gly Arg Arg Lys 180 185 190	576
gct ttt act act tgt tcc tct cac ctc atg gtg gtg gga atg tac tat Ala Phe Thr Thr Cys Ser Ser His Leu Met Val Val Gly Met Tyr Tyr 195 200 205	624
gga gca gtg gat gca atc gcg gcg gct cca gtc ctc agg cgg ctc cag Gly Ala Val Asp Ala Ile Ala Ala Pro Val Leu Arg Arg Leu Gln 210 215 220	672
tcc tca ggc ggc tcc agt cct cag ggg gtt cca gtc ctc agg cgg ctc Ser Ser Gly Gly Ser Ser Pro Gln Gly Val Pro Val Leu Arg Arg Leu 225 230 235 240	720
cag tcc tca ggc ggc tcc agt cct cag ggg gct cca gtc ctc agg ggg Gln Ser Ser Gly Gly Ser Ser Pro Gln Gly Ala Pro Val Leu Arg Gly 245 250 255	768
ttc cag tcc tca ggc ggc tcc agt cct cag gga gct cca gtc ctc agg Phe Gln Ser Ser Gly Gly Ser Ser Pro Gln Gly Ala Pro Val Leu Arg 260 265 270	816
cgg ctc cag tcc tca ggg ggc tcc agt cct cag ggg gtt cca gtc ctc Arg Leu Gln Ser Ser Gly Gly Ser Ser Pro Gln Gly Val Pro Val Leu 275 280 285	864
agg cgg ctc cag tcc tca ggc ggc tcc agt cct cag ggc ggc tcc agt Arg Arg Leu Gln Ser Ser Gly Gly Ser Ser Pro Gln Gly Gly Ser Ser 290 295 300	912
cct cag ggg gct cca gtc ctc agg cgg ctc ctg tcc tca ggc ggc tcc Pro Gln Gly Ala Pro Val Leu Arg Arg Leu Leu Ser Ser Gly Gly Ser 305 310 315 320	960
agt cct cag ggg gct cca gtc ctc agg ggg ttc cag tcc tca ggc ggc Ser Pro Gln Gly Ala Pro Val Leu Arg Gly Phe Gln Ser Ser Gly Gly 325 330 335	1008

08.10.04

XPs.ST25.txt

tcc agt cct cag ggc ggc tcc agt cct cag ggc ggc tcc aat tca ccc Ser Ser Pro Gln Gly Gly Ser Ser Pro Gln Gly Gly Ser Asn Ser Pro	1056
340 345 350	
cag cac ggc ccc atg gcg caa gga gac ccg ctg gaa agg aag cat ttg Gln His Gly Pro Met Ala Gln Gly Asp Pro Leu Glu Arg Lys His Leu	1104
355 360 365	
aac tcc aga agc aca gga ctt gcg act ttc agc ctt tgc gcc cat ctc Asn Ser Arg Ser Thr Gly Leu Ala Thr Phe Ser Leu Cys Ala His Leu	1152
370 375 380	
tgc gcc acc agc ccc gca gaa gta gct ggg aat gga gct gtc ccc atc Cys Ala Thr Ser Pro Ala Glu Val Ala Gly Asn Gly Ala Val Pro Ile	1200
385 390 395 400	
cag aga cat ctc cag gct cac cac gga gca aat tct gtg cag aag aag Gln Arg His Leu Gln Ala His His Gly Ala Asn Ser Val Gln Lys Lys	1248
405 410 415	
aga ata aac gca tgc gga aca gaa ggc gtt tta gaa act agt ttc caa Arg Ile Asn Ala Cys Gly Thr Glu Gly Val Leu Glu Thr Ser Phe Gln	1296
420 425 430	
cg aca gat cca cct cgt act tct gat gca cgg tca cat gca ttt ctc Pro Thr Asp Pro Pro Arg Thr Ser Asp Ala Arg Ser His Ala Phe Leu	1344
435 440 445	
ctc aaa gga ctt cat cta taa Leu Lys Gly Leu His Leu	1365
450	
<210> 32	
<211> 454	
<212> PRT	
<213> Homo sapiens	
<400> 32	
Met Val Leu Leu Ile Tyr Leu Asp Thr Gln Leu His Thr Pro Met Tyr	
1 5 10 15	
Phe Leu Leu Ser Gln Leu Ser Leu Met Asp Leu Met Leu Ile Cys Thr	
20 25 30	
Thr Val Pro Lys Met Ala Phe Asn Tyr Leu Ser Gly Ser Lys Ser Ile	
35 40 45	
Ser Met Ala Gly Cys Ala Thr Gln Ile Phe Phe Tyr Ile Ser Leu Leu	
50 55 60	
Gly Ser Glu Cys Phe Leu Leu Ala Val Met Ser Tyr Asp Arg Tyr Thr	
65 70 75 80	
Ala Ile Cys His Pro Leu Arg Tyr Thr Asn Leu Met Arg Pro Lys Ile	
85 90 95	
Cys Gly Leu Met Thr Ala Phe Ser Trp Ile Leu Gly Ser Thr Asp Gly	
100 105 110	

05.10.04

XPs.ST25.txt

Ile Ile Asp Ala Val Ala Thr Phe Ser Phe Ser Tyr Cys Gly Ser Arg
115 120 125

Glu Ile Ala His Phe Cys Cys Asp Phe Pro Ser Leu Leu Ile Leu Ser
130 135 140

Cys Asn Asp Thr Ser Ile Phe Glu Glu Val Ile Phe Ile Cys Cys Ile
145 150 155 160

Val Met Leu Val Phe Pro Val Ala Ile Ile Ile Thr Ser Tyr Ala Arg
165 170 175

Val Ile Leu Ala Val Ile His Met Gly Ser Gly Glu Gly Arg Arg Lys
180 185 190

Ala Phe Thr Thr Cys Ser Ser His Leu Met Val Val Gly Met Tyr Tyr
195 200 205

Gly Ala Val Asp Ala Ile Ala Ala Ala Pro Val Leu Arg Arg Leu Gln
210 215 220

Ser Ser Gly Gly Ser Ser Pro Gln Gly Val Pro Val Leu Arg Arg Leu
225 230 235 240

Gln Ser Ser Gly Gly Ser Ser Pro Gln Gly Ala Pro Val Leu Arg Gly
245 250 255

Phe Gln Ser Ser Gly Gly Ser Ser Pro Gln Gly Ala Pro Val Leu Arg
260 265 270

Arg Leu Gln Ser Ser Gly Gly Ser Ser Pro Gln Gly Val Pro Val Leu
275 280 285

Arg Arg Leu Gln Ser Ser Gly Gly Ser Ser Pro Gln Gly Gly Ser Ser
290 295 300

Pro Gln Gly Ala Pro Val Leu Arg Arg Leu Leu Ser Ser Gly Gly Ser
305 310 315 320

Ser Pro Gln Gly Ala Pro Val Leu Arg Gly Phe Gln Ser Ser Gly Gly
325 330 335

Ser Ser Pro Gln Gly Gly Ser Ser Pro Gln Gly Gly Ser Asn Ser Pro
340 345 350

Gln His Gly Pro Met Ala Gln Gly Asp Pro Leu Glu Arg Lys His Leu
355 360 365

Asn Ser Arg Ser Thr Gly Leu Ala Thr Phe Ser Leu Cys Ala His Leu
370 375 380

06.10.04

XPs.ST25.txt

Cys Ala Thr Ser Pro Ala Glu Val Ala Gly Asn Gly Ala Val Pro Ile
385 390 395 400

Gln Arg His Leu Gln Ala His His Gly Ala Asn Ser Val Gln Lys Lys
405 410 415

Arg Ile Asn Ala Cys Gly Thr Glu Gly Val Leu Glu Thr Ser Phe Gln
420 425 430

Pro Thr Asp Pro Pro Arg Thr Ser Asp Ala Arg Ser His Ala Phe Leu
435 440 445

Leu Lys Gly Leu His Leu
450

<210> 33
<211> 2027
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (668)..(949)
<223>

<400> 33
cgggaagctg tttcgctgaggctcgcg gcttttttggga attcagttat caagcttttag 60
agcctggcta ctcacagttg aagcctgatt gcagggttct ttaactctt ctctccacac 120
ccgcactgga gaccactggt aaccatctgt ggccatcacc taaactctca cccagtagag 180
atggggtttc accatgttag ccaggatggt ctcgatctcc tgacctcatg atctgcccgc 240
ctcagcctcc caagtgctgg gattacaggc gtgagccaca atgcccggcc cacgttttgc 300
tgttaataat gatggtgctg aagactatgg ctttcatgac tagttctgct ttaagaaaac 360
attccgttga tttgtacaaa tagcacaaga ggacaccaac tccatgcaga tggcagccca 420
tcaggtcaca ccagtccttc tgtcctcaca ctggcagaca gaggcctcct ctctggagtc 480
tcacagggg cctgagctag agctggaaat gcagctggag ctgcagccaa agctggggct 540
gcagggcctt gatttgagac ttggccttgg tcttgggtgg gcagaggtaa gacccttggc 600
aatgcaggca ggagcacgct tcccgagctt ggggtaggca atgtaggcaa gtcaattgag 660
cttctgg atg atg tgc ttt ggg att tgg gac tta acc tcc ttg gcc ttt 709
Met Met Cys Phe Gly Ile Trp Asp Leu Thr Ser Leu Ala Phe
1 5 10
ttg agg act ttg ata gac ttg gca tac aga cac atg gca ttg gta ctg 757
Leu Arg Thr Leu Ile Asp Leu Ala Tyr Arg His Met Ala Leu Val Leu
15 20 25 30
ttg gcc cgc ttc tta ttc acg ccc ttc ttg ttg tgc ttc ttg gca aag 805
Leu Ala Arg Phe Leu Phe Thr Pro Phe Leu Leu Cys Phe Leu Ala Lys
35 40 45
cac atg ttc ctc agg aac ttg ggg tct acc cca tta aga ggt ttg tat 853
His Met Phe Leu Arg Asn Leu Gly Ser Thr Pro Leu Arg Gly Leu Tyr
50 55 60

05.10.04

XPs.ST25.txt

```

ctt tgt tat cac agt ttc ttg atg tca ttt ctg tac cat ttt tgg gac      901
Leu Cys Tyr His Ser Phe Leu Met Ser Phe Leu Tyr His Phe Trp Asp
      65                                75

tgg ttg tgt gtg gtg tgg ttc ttg gac ttg gcc atg tct aca tca taa      949
Trp Leu Cys Val Val Trp Phe Leu Asp Leu Ala Met Ser Thr Ser
      80                                90

cctgtggctc cagaagctct tgggaccaga agagaaagaa ccaaaaagtg aattttatatt 1009
taaaaaaatg ttttgagaca ggggtctcatt ctgatgccca ggttgggggtg cagtggcaca 1069
atcatggctc actgcagcct caacctagcc atcctcctgc ctcagcctcc tgagtagctg 1129
ggactgcaga agtgcactac catgcccagc taatttttga aattttctgc agagacaagg 1189
tctcactatg ttgcccaggc tgggtctcaa ctcttgagct taagtgttcc tcctacctcg 1249
gcctcccaaa gtactgggat tataggtgtg aaccaccata cccaggctca aaaagtgaat 1309
ttaaaaaataa gtaactgcta gatagtatta aaatattatc atttggaaca agtgaaaaat 1369
tttttcacgt agccaggctg agttccagaa tgaatttagt ttaattgctt tgcttaattt 1429
tttttgagac agagtctcac tctgttgccc aggctggagt gcagtggcgc gatcttggct 1489
cactgcaacc tctgcctcct gaattccagc gattctcttg cctcagcctc ctgagtatct 1549
aggatcacag acgcctgcca ctatgtctgg ctaatttttg tatgtttttc agagacaagg 1609
tttcgccatg ttgcctaggc tgggtctctaa cccctgagct ccggtgattc acccgctca 1669
gcttcccaaa gtgctgggat tacagacatg agccactgtg ccggcctggt ttgcttaata 1729
ttgattgctt ttagtttcag ctttcaatca caaaagacaa tcatgcagta gataattaag 1789
tgtaatatgg attactttga aacttagcaa tgagagtctt tttttttctt tttatacaaa 1849
attcctctaa aatgggaata tttttcacat aaaataaagg gaaacttaga aaatgtgtct 1909
aagtataatg gaagcattca aatgtttgtt ttaagctttc taatacatatt atttgtacag 1969
atcaagactt actaatatgc taaaaaggaa cagttaaaat aaactattgt acattctt 2027

```

```

<10> 34
<11> 93
<212> PRT
<213> Homo sapiens

```

<400> 34

```

Met Met Cys Phe Gly Ile Trp Asp Leu Thr Ser Leu Ala Phe Leu Arg
1          5          10          15

```

```

Thr Leu Ile Asp Leu Ala Tyr Arg His Met Ala Leu Val Leu Leu Ala
20          25          30

```

```

Arg Phe Leu Phe Thr Pro Phe Leu Leu Cys Phe Leu Ala Lys His Met
35          40          45

```

```

Phe Leu Arg Asn Leu Gly Ser Thr Pro Leu Arg Gly Leu Tyr Leu Cys
50          55          60

```

05.10.04

XP5.ST25.txt

Tyr His Ser Phe Leu Met Ser Phe Leu Tyr His Phe Trp Asp Trp Leu
65 70 75 80

Cys Val Val Trp Phe Leu Asp Leu Ala Met Ser Thr Ser
85 90

<210> 35
<211> 1743
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1743)
<223>

<400> 35
atg cac atc ttc gcc aac ttt ggg cat ttc cac ctc tct atg gcc tgc 48
Met His Ile Phe Ala Asn Phe Gly His Phe His Leu Ser Met Ala Cys
1 5 10 15
gag tgt ggt ggc tcc caa aag ccc att gag ccc agg ggt tcc aca agc 96
Gln Cys Gly Gly Ser Gln Lys Pro Ile Glu Pro Arg Gly Ser Thr Ser
20 25 30
ttc ctc gaa ggt gct cag ggg ggc tca gga gag ggc tgt agc cag atg 144
Phe Leu Glu Gly Ala Gln Gly Gly Ser Gly Glu Gly Cys Ser Gln Met
35 40 45
aag gca gtc ccc gag aga ggg aaa gcg gag agt aag gaa gag aca gca 192
Lys Ala Val Pro Glu Arg Gly Lys Ala Glu Ser Lys Glu Glu Thr Ala
50 55 60
act cag agc tgc agc ttt ctc agc ttc aaa acg aag aca ata aga aaa 240
Thr Gln Ser Cys Ser Phe Leu Ser Phe Lys Thr Lys Thr Ile Arg Lys
65 70 75 80
ggg gac ccc tca aga tca aag gag ggg atg gaa caa tat ctg cgg gac 288
Gly Asp Pro Ser Arg Ser Lys Glu Gly Met Glu Gln Tyr Leu Arg Asp
85 90 95
tgc tgc tgg gtg ctg tgc gcg ctg ctc gtg ttc ttc tcc gac ggt gcc 336
Cys Cys Trp Val Leu Cys Ala Leu Leu Val Phe Phe Ser Asp Gly Ala
100 105 110
acg gac ctg tgg ctg gcg gcc tcc tac tac ctg cag aat caa cac acc 384
Thr Asp Leu Trp Leu Ala Ala Ser Tyr Tyr Leu Gln Asn Gln His Thr
115 120 125
tac ttc agc ctc acc ttg ctg ttc gtg ctc ctg ccc tcg ctg gtc gtg 432
Tyr Phe Ser Leu Thr Leu Leu Phe Val Leu Leu Pro Ser Leu Val Val
130 135 140
cag tta ctg agc ttc cgc tgg ttc gtc tac gac tac tcg gag ccc gca 480
Gln Leu Leu Ser Phe Arg Trp Phe Val Tyr Asp Tyr Ser Glu Pro Ala
145 150 155 160
ggg tcc ccg gga ccc gcc gtc agc acc aag gac agc gta gcc ggc gga 528
Gly Ser Pro Gly Pro Ala Val Ser Thr Lys Asp Ser Val Ala Gly Gly
165 170 175
gcc gcc atc agc acc aag gac agc gcc ggc gcc ttc cgg acc aaa gaa 576
Ala Ala Ile Ser Thr Lys Asp Ser Ala Gly Ala Phe Arg Thr Lys Glu
180 185 190

05.10.04

XPs.ST25.txt

ggc agc ccc gag ccg ggt ccc cag cct gcg ccc tcc tcg gcc agc gcc Gly Ser Pro Glu Pro Gly Pro Gln Pro Ala Pro Ser Ser Ala Ser Ala	624
tac cgc cgc cgc tgc tgc cgc ctc tgc atc tgg ctg ctg cag acc ctc Tyr Arg Arg Arg Cys Cys Arg Leu Cys Ile Trp Leu Leu Gln Thr Leu	672
gtc cac ctc ctg cag ctc ggc cag gtc tgg agg tac ctg cgc gcc ctg Val His Leu Leu Gln Leu Gly Gln Val Trp Arg Tyr Leu Arg Ala Leu	720
tac ctg ggg ctg cag agc cgc tgg cgc ggg gag cgg ctg cgg cgc cac Tyr Leu Gly Leu Gln Ser Arg Trp Arg Gly Glu Arg Leu Arg Arg His	768
ttc tac tgg cag atg ctg ttc gag agc gcc gac gtg agc atg ctg cgc Phe Tyr Trp Gln Met Leu Phe Glu Ser Ala Asp Val Ser Met Leu Arg	816
ttg ctg gag acc ttc ctg cgc agc gcg ccg cag cta gtg ctg cag ctc Leu Leu Glu Thr Phe Leu Arg Ser Ala Pro Gln Leu Val Leu Gln Leu	864
gc ctg ctg gtg cac cgc ggt ggc gcg ccc gac ctg ctg ccg gcc ctc Ser Leu Leu Val His Arg Gly Gly Ala Pro Asp Leu Leu Pro Ala Leu	912
tcc acc tcc gcc tcc ctc gtg tct ctg gcc tgg acg ctg gcc tcc tac Ser Thr Ser Ala Ser Leu Val Ser Leu Ala Trp Thr Leu Ala Ser Tyr	960
cag aag gtg ctg cgg gac tcg cgg gac gac aag cgg ccg ctg tcc tac Gln Lys Val Leu Arg Asp Ser Arg Asp Asp Lys Arg Pro Leu Ser Tyr	1008
aag ggc gcc gtg gca cag gtg ctg tgg cac ctg ttc agc att gcc gcc Lys Gly Ala Val Ala Gln Val Leu Trp His Leu Phe Ser Ile Ala Ala	1056
cgc ggc ctg gcc ttc gcg ctc ttc gcc agc gtc tac aag ctc tat ttt Arg Gly Leu Ala Phe Ala Leu Phe Ala Ser Val Tyr Lys Leu Tyr Phe	1104
ggc atc ttc atc gtg gcc cac tgg tgc gtc atg acc ttc tgg gtc atc Gly Ile Phe Ile Val Ala His Trp Cys Val Met Thr Phe Trp Val Ile	1152
caa ggg gag acg gac ttc tgc atg tcc aag tgg gag gag atc atc tac Gln Gly Glu Thr Asp Phe Cys Met Ser Lys Trp Glu Glu Ile Ile Tyr	1200
aac atg gtc gtg ggc atc atc tac atc ttc tgc tgg ttc aac gtc aag Asn Met Val Val Gly Ile Ile Tyr Ile Phe Cys Trp Phe Asn Val Lys	1248
gag ggc cgc agc cgc cgc cgc atg acc ctc tac cac tgc atc gtc ctg Glu Gly Arg Ser Arg Arg Arg Met Thr Leu Tyr His Cys Ile Val Leu	1296
ctg gag aac gcc gcg ctc acc ggc ttc tgg tac tcc agc cgc aac ttc Leu Glu Asn Ala Ala Leu Thr Gly Phe Trp Tyr Ser Ser Arg Asn Phe	1344
tca acc gac ttc tac tcg ctc atc atg gtc tgc gta gtg gcc tcc agc Ser Thr Asp Phe Tyr Ser Leu Ile Met Val Cys Val Val Ala Ser Ser	1392

05.10.04

XPs.ST25.txt

ttt gcg ctg ggc ata ttc ttc atg cac ctg gtt gca tct tcc gta agg 1440
Phe Ala Leu Gly Ile Phe Phe Met His Leu Val Ala Ser Ser Val Arg
465 470 475 480

cct cag agc cct gtg gcc cac ccg ctg acg cca tca cga gtc ccc cca 1488
Pro Gln Ser Pro Val Ala His Pro Leu Thr Pro Ser Arg Val Pro Pro
485 490 495

ggt ccc tgc caa gga cta cag gtg cgg cct ggc ttg cct ccc aca cca 1536
Gly Pro Cys Gln Gly Leu Gln Val Arg Pro Gly Leu Pro Pro Thr Pro
500 505 510

gtg gcc cgc acc ttg cgg aca gag ggg cct gtc atc cgg att gac ttg 1584
Val Ala Arg Thr Leu Arg Thr Glu Gly Pro Val Ile Arg Ile Asp Leu
515 520 525

cct cgc aag aag tac ccg gcc tgg gat gct cat ttt att gac cgc cgg 1632
Pro Arg Lys Lys Tyr Pro Ala Trp Asp Ala His Phe Ile Asp Arg Arg
530 535 540

ctc cgg aag acc atc ctg gca ctg gag tac tcc tca cct gcc acg ccc 1680
Leu Arg Lys Thr Ile Leu Ala Leu Glu Tyr Ser Ser Pro Ala Thr Pro
545 550 555 560

gg ttg cag tac cgg agt gtg ggg act tcc cag gag ctg ctg gag tat 1728
Arg Leu Gln Tyr Arg Ser Val Gly Thr Ser Gln Glu Leu Leu Glu Tyr
565 570 575

gag acc aca gtg tag 1743
Glu Thr Thr Val
580

<210> 36
<211> 580
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 36

Met His Ile Phe Ala Asn Phe Gly His Phe His Leu Ser Met Ala Cys
1 5 10 15

Gln Cys Gly Gly Ser Gln Lys Pro Ile Glu Pro Arg Gly Ser Thr Ser
20 25 30

Phe Leu Glu Gly Ala Gln Gly Gly Ser Gly Glu Gly Cys Ser Gln Met
35 40 45

Lys Ala Val Pro Glu Arg Gly Lys Ala Glu Ser Lys Glu Glu Thr Ala
50 55 60

Thr Gln Ser Cys Ser Phe Leu Ser Phe Lys Thr Lys Thr Ile Arg Lys
65 70 75 80

Gly Asp Pro Ser Arg Ser Lys Glu Gly Met Glu Gln Tyr Leu Arg Asp
85 90 95

Cys Cys Trp Val Leu Cys Ala Leu Leu Val Phe Phe Ser Asp Gly Ala
100 105 110

05.10.04

XPs.ST25.txt

Thr Asp Leu Trp Leu Ala Ala Ser Tyr Tyr Leu Gln Asn Gln His Thr
115 120 125

Tyr Phe Ser Leu Thr Leu Leu Phe Val Leu Leu Pro Ser Leu Val Val
130 135 140

Gln Leu Leu Ser Phe Arg Trp Phe Val Tyr Asp Tyr Ser Glu Pro Ala
145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Pro Ala Val Ser Thr Lys Asp Ser Val Ala Gly Gly
165 170 175

Ala Ala Ile Ser Thr Lys Asp Ser Ala Gly Ala Phe Arg Thr Lys Glu
180 185 190

Gly Ser Pro Glu Pro Gly Pro Gln Pro Ala Pro Ser Ser Ala Ser Ala
195 200 205

Tyr Arg Arg Arg Cys Cys Arg Leu Cys Ile Trp Leu Leu Gln Thr Leu
210 215 220

Val His Leu Leu Gln Leu Gly Gln Val Trp Arg Tyr Leu Arg Ala Leu
225 230 235 240

Tyr Leu Gly Leu Gln Ser Arg Trp Arg Gly Glu Arg Leu Arg Arg His
245 250 255

Phe Tyr Trp Gln Met Leu Phe Glu Ser Ala Asp Val Ser Met Leu Arg
260 265 270

Leu Leu Glu Thr Phe Leu Arg Ser Ala Pro Gln Leu Val Leu Gln Leu
275 280 285

Ser Leu Leu Val His Arg Gly Gly Ala Pro Asp Leu Leu Pro Ala Leu
290 295 300

Ser Thr Ser Ala Ser Leu Val Ser Leu Ala Trp Thr Leu Ala Ser Tyr
305 310 315 320

Gln Lys Val Leu Arg Asp Ser Arg Asp Asp Lys Arg Pro Leu Ser Tyr
325 330 335

Lys Gly Ala Val Ala Gln Val Leu Trp His Leu Phe Ser Ile Ala Ala
340 345 350

Arg Gly Leu Ala Phe Ala Leu Phe Ala Ser Val Tyr Lys Leu Tyr Phe
355 360 365

Gly Ile Phe Ile Val Ala His Trp Cys Val Met Thr Phe Trp Val Ile
370 375 380

05.10.04

XPs.ST25.txt

Gln Gly Glu Thr Asp Phe Cys Met Ser Lys Trp Glu Glu Ile Ile Tyr
385 390 395 400

Asn Met Val Val Gly Ile Ile Tyr Ile Phe Cys Trp Phe Asn Val Lys
405 410 415

Glu Gly Arg Ser Arg Arg Arg Met Thr Leu Tyr His Cys Ile Val Leu
420 425 430

Leu Glu Asn Ala Ala Leu Thr Gly Phe Trp Tyr Ser Ser Arg Asn Phe
435 440 445

Ser Thr Asp Phe Tyr Ser Leu Ile Met Val Cys Val Val Ala Ser Ser
450 455 460

Phe Ala Leu Gly Ile Phe Phe Met His Leu Val Ala Ser Ser Val Arg
465 470 475 480

Pro Gln Ser Pro Val Ala His Pro Leu Thr Pro Ser Arg Val Pro Pro
485 490 495

Gly Pro Cys Gln Gly Leu Gln Val Arg Pro Gly Leu Pro Pro Thr Pro
500 505 510

Val Ala Arg Thr Leu Arg Thr Glu Gly Pro Val Ile Arg Ile Asp Leu
515 520 525

Pro Arg Lys Lys Tyr Pro Ala Trp Asp Ala His Phe Ile Asp Arg Arg
530 535 540

Leu Arg Lys Thr Ile Leu Ala Leu Glu Tyr Ser Ser Pro Ala Thr Pro
545 550 555 560

Arg Leu Gln Tyr Arg Ser Val Gly Thr Ser Gln Glu Leu Leu Glu Tyr
565 570 575

Glu Thr Thr Val
580

<210> 37
<211> 1113
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1113)
<223>

<400> 37
atg aag ata aag aat cac act cca gta act gag gtc ccc ctg atg gga
Met Lys Ile Lys Asn His Thr Pro Val Thr Glu Val Pro Leu Met Gly
1 5 10 15

48

atc cct cat aca aag ggg atg gaa aat gtg ctt ttt gtc tta ttt ctg
Seite 44

96

05.10.04

XPs.ST25.txt

Ile	Pro	His	Thr	Lys	Gly	Met	Glu	Asn	Val	Leu	Phe	Val	Leu	Phe	Leu	
			20					25					30			
gcc	ttc	tac	ctc	ttc	acc	ttg	ctg	ggg	aac	cta	ctc	att	ctt	ctg	gcc	144
Ala	Phe	Tyr	Leu	Phe	Thr	Leu	Leu	Gly	Asn	Leu	Leu	Ile	Leu	Leu	Ala	
		35					40					45				
gtc	ctc	act	ttc	tcc	aac	ctc	cac	acc	ccc	atg	tat	ttc	ttc	ctg	gga	192
Val	Leu	Thr	Phe	Ser	Asn	Leu	His	Thr	Pro	Met	Tyr	Phe	Phe	Leu	Gly	
		50				55					60					
aac	ctg	tct	gtg	ttt	gac	ata	ttt	ttc	cct	tca	ctc	ttc	ttt	cac	cat	240
Asn	Leu	Ser	Val	Phe	Asp	Ile	Phe	Phe	Pro	Ser	Leu	Phe	Phe	His	His	
		65			70				75					80		
ttc	ctg	ggt	tgc	acc	gag	tgt	ttc	ctg	tac	act	gtg	atg	gcc	tat	gac	288
Phe	Leu	Gly	Cys	Thr	Glu	Cys	Phe	Leu	Tyr	Thr	Val	Met	Ala	Tyr	Asp	
				85					90					95		
cga	ttt	gca	gcc	atc	tgc	cac	cct	ttg	cca	tac	acg	gtc	atc	atg	aaa	336
Arg	Phe	Ala	Ala	Ile	Cys	His	Pro	Leu	Pro	Tyr	Thr	Val	Ile	Met	Lys	
			100					105					110			
gc	agg	gca	cct	gga	cgg	gga	gct	gtc	tgc	atg	cat	ctg	tcc	tca	cac	384
Arg	Arg	Ala	Pro	Gly	Arg	Gly	Ala	Val	Cys	Met	His	Leu	Ser	Ser	His	
		115					120					125				
tcc	tca	tct	tta	agt	tat	cct	act	gtg	gcc	cca	atg	aag	tgg	aca	att	432
Ser	Ser	Ser	Leu	Ser	Tyr	Pro	Thr	Val	Ala	Pro	Met	Lys	Trp	Thr	Ile	
		130				135					140					
ttt	ttc	tgt	gat	att	ccg	gtg	gtg	ctg	ccc	ctg	gcc	tgc	gca	gac	acc	480
Phe	Phe	Cys	Asp	Ile	Pro	Val	Val	Leu	Pro	Leu	Ala	Cys	Ala	Asp	Thr	
		145			150				155						160	
tct	cta	gca	cgg	aca	gtg	agt	ttc	atc	aac	gta	ggt	gtt	gtt	gca	ctc	528
Ser	Leu	Ala	Arg	Thr	Val	Ser	Phe	Ile	Asn	Val	Gly	Val	Val	Ala	Leu	
				165					170					175		
atg	tgt	ttt	ctt	ctt	atc	ctc	acc	tct	tat	gct	tgc	att	gtt	atc	tct	576
Met	Cys	Phe	Leu	Leu	Ile	Leu	Thr	Ser	Tyr	Ala	Cys	Ile	Val	Ile	Ser	
			180					185					190			
ata	ctg	aaa	atc	agt	tcc	tca	gaa	ggt	agg	cgc	aga	gcc	ttc	tca	acc	624
Ile	Leu	Lys	Ile	Ser	Ser	Ser	Glu	Gly	Arg	Arg	Arg	Ala	Phe	Ser	Thr	
		195					200					205				
gca	agt	gcc	cat	ctg	acg	tcc	atc	ctg	ctc	ttc	tat	gga	cca	ata	gtc	672
Cys	Ser	Ala	His	Leu	Thr	Ser	Ile	Leu	Leu	Phe	Tyr	Gly	Pro	Ile	Val	
		210				215					220					
ctc	att	tat	ctc	cga	cct	gcc	tcc	agc	cct	tgg	ctg	gac	tct	gtg	gtt	720
Leu	Ile	Tyr	Leu	Arg	Pro	Ala	Ser	Ser	Pro	Trp	Leu	Asp	Ser	Val	Val	
					230				235					240		
cag	gtg	ttg	aat	aat	att	gtt	atc	cct	tcc	ctg	aat	cct	ttg	ata	tat	768
Gln	Val	Leu	Asn	Asn	Ile	Val	Ile	Pro	Ser	Leu	Asn	Pro	Leu	Ile	Tyr	
				245					250					255		
act	ttg	aga	aac	aaa	ggt	gta	aag	ctg	gca	ctg	aga	aag	gtg	ctc	att	816
Thr	Leu	Arg	Asn	Lys	Gly	Val	Lys	Leu	Ala	Leu	Arg	Lys	Val	Leu	Ile	
				260				265					270			
caa	gga	gta	cat	aat	tgt	gga	agc	ggc	tcc	gtg	gag	gat	ggc	act	gcc	864
Gln	Gly	Val	His	Asn	Cys	Gly	Ser	Gly	Ser	Val	Glu	Asp	Gly	Thr	Ala	
		275					280					285				
tca	ggc	cca	gct	cca	cct	cct	ccc	tgc	acc	ctc	cca	gca	gtt	gct	gca	912

05.10.04

XPs.ST25.txt

Ser	Gly	Pro	Ala	Pro	Pro	Pro	Pro	Cys	Thr	Leu	Pro	Ala	Val	Ala	Ala		
290						295					300						
gat	gag	agc	ggc	gat	ggg	acc	agg	gtc	cag	agc	aat	gga	ggc	tcc	gtg		960
Asp	Glu	Ser	Gly	Asp	Gly	Thr	Arg	Val	Gln	Ser	Asn	Gly	Gly	Ser	Val		
305					310					315					320		
cct	ggg	agc	ggg	ttc	tgc	cgg	ctg	cgg	aag	gat	agg	ggt	ggc	aca	gtc		1008
Pro	Gly	Ser	Gly	Phe	Cys	Arg	Leu	Arg	Lys	Asp	Arg	Gly	Gly	Thr	Val		
				325					330					335			
agc	cgc	ctt	ggg	gac	aca	gga	cat	agg	gga	ccc	acc	acc	gcc	act	gcc		1056
Ser	Arg	Leu	Gly	Asp	Thr	Gly	His	Arg	Gly	Pro	Thr	Thr	Ala	Thr	Ala		
			340					345					350				
gct	ccc	gca	gca	gct	cgt	gcc	gcc	acc	acc	cac	gcc	tcc	ttg	ctg	cag		1104
Ala	Pro	Ala	Ala	Ala	Arg	Ala	Ala	Thr	Thr	His	Ala	Ser	Leu	Leu	Gln		
		355				360						365					
cca	gcg	tga															1113
Pro	Ala																
370																	

<210> 38
 <211> 370
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 38

Met	Lys	Ile	Lys	Asn	His	Thr	Pro	Val	Thr	Glu	Val	Pro	Leu	Met	Gly
1				5					10					15	

Ile	Pro	His	Thr	Lys	Gly	Met	Glu	Asn	Val	Leu	Phe	Val	Leu	Phe	Leu
			20					25					30		

Ala	Phe	Tyr	Leu	Phe	Thr	Leu	Leu	Gly	Asn	Leu	Leu	Ile	Leu	Leu	Ala
		35					40					45			

Val	Leu	Thr	Phe	Ser	Asn	Leu	His	Thr	Pro	Met	Tyr	Phe	Phe	Leu	Gly
	50					55					60				

Asn	Leu	Ser	Val	Phe	Asp	Ile	Phe	Phe	Pro	Ser	Leu	Phe	Phe	His	His
65					70					75				80	

Phe	Leu	Gly	Cys	Thr	Glu	Cys	Phe	Leu	Tyr	Thr	Val	Met	Ala	Tyr	Asp
				85					90					95	

Arg	Phe	Ala	Ala	Ile	Cys	His	Pro	Leu	Pro	Tyr	Thr	Val	Ile	Met	Lys
		100						105					110		

Arg	Arg	Ala	Pro	Gly	Arg	Gly	Ala	Val	Cys	Met	His	Leu	Ser	Ser	His
		115					120					125			

Ser	Ser	Ser	Leu	Ser	Tyr	Pro	Thr	Val	Ala	Pro	Met	Lys	Trp	Thr	Ile
	130					135					140				

Phe	Phe	Cys	Asp	Ile	Pro	Val	Val	Leu	Pro	Leu	Ala	Cys	Ala	Asp	Thr
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

05.10.04

XPs.ST25.txt
155

145

150

160

Ser Leu Ala Arg Thr Val Ser Phe Ile Asn Val Gly Val Val Ala Leu
165 170 175

Met Cys Phe Leu Leu Ile Leu Thr Ser Tyr Ala Cys Ile Val Ile Ser
180 185 190

Ile Leu Lys Ile Ser Ser Ser Glu Gly Arg Arg Arg Ala Phe Ser Thr
195 200 205

Cys Ser Ala His Leu Thr Ser Ile Leu Leu Phe Tyr Gly Pro Ile Val
210 215 220

Leu Ile Tyr Leu Arg Pro Ala Ser Ser Pro Trp Leu Asp Ser Val Val
225 230 235 240

Gln Val Leu Asn Asn Ile Val Ile Pro Ser Leu Asn Pro Leu Ile Tyr
245 250 255

Thr Leu Arg Asn Lys Gly Val Lys Leu Ala Leu Arg Lys Val Leu Ile
260 265 270

Gln Gly Val His Asn Cys Gly Ser Gly Ser Val Glu Asp Gly Thr Ala
275 280 285

Ser Gly Pro Ala Pro Pro Pro Cys Thr Leu Pro Ala Val Ala Ala
290 295 300

Asp Glu Ser Gly Asp Gly Thr Arg Val Gln Ser Asn Gly Gly Ser Val
305 310 315 320

Pro Gly Ser Gly Phe Cys Arg Leu Arg Lys Asp Arg Gly Gly Thr Val
325 330 335

Ser Arg Leu Gly Asp Thr Gly His Arg Gly Pro Thr Thr Ala Thr Ala
340 345 350

Ala Pro Ala Ala Ala Arg Ala Ala Thr Thr His Ala Ser Leu Leu Gln
355 360 365

Pro Ala
370

<210> 39
<211> 1257
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1257)
<223>

05.10.04

XPs.ST25.txt

```

<400> 39
atg gag ccc aga gaa gct gga cag cac gtg ggg gcc gcc aac ggc gcc      48
Met Glu Pro Arg Glu Ala Gly Gln His Val Gly Ala Ala Asn Gly Ala
1      5      10      15

cag gag gat gtg gcc ttc aac ctc atc atc ctg tcc ctc acc gag ggg      96
Gln Glu Asp Val Ala Phe Asn Leu Ile Ile Leu Ser Leu Thr Gly Gly
20      25      30

ctc ggc ctc ggt ggg ctg ctg ggg aat ggg gca gtc ctc tgg ctg ctc      144
Leu Gly Leu Gly Gly Leu Leu Gly Asn Gly Ala Val Leu Trp Leu Leu
35      40      45

agc tcc aat gtc tac aga aac ccc ttc gcc atc tac ctc ctg gac gtg      192
Ser Ser Asn Val Tyr Arg Asn Pro Phe Ala Ile Tyr Leu Leu Asp Val
50      55      60

gcc tgc gcg gat ctc atc ttc ctt ggc tgc cac atg gtg gcc atc gtc      240
Ala Cys Ala Asp Leu Ile Phe Leu Gly Cys His Met Val Ala Ile Val
65      70      75      80

ccc gac ttg ctg caa ggc cgg ctg gac ttc ccg ggc ttc gtg cag acc      288
Pro Asp Leu Leu Gln Gly Arg Leu Asp Phe Pro Gly Phe Val Gln Thr
85      90      95

agc ctg gca acg ctg cgc ttc ttc tgc tac atc gtg ggc ctg agt ctc      336
Ser Leu Ala Thr Leu Arg Phe Phe Cys Tyr Ile Val Gly Leu Ser Leu
100      105      110

ctg gcg gcc gtc agc gtg gag cag tgc ctg gcc gcc ctc ttc cca gcc      384
Leu Ala Ala Val Ser Val Glu Gln Cys Leu Ala Ala Leu Phe Pro Ala
115      120      125

tgg tac tcg tgc cgc cgc cca cgc cac ctg acc acc tgt gtg tgc gcc      432
Trp Tyr Ser Cys Arg Arg Pro Arg His Leu Thr Thr Cys Val Cys Ala
130      135      140

ctc acc tgg gcc ctc tgc ctg ctg ctg cac ctg ctg ctc agc ggc gcc      480
Leu Thr Trp Ala Leu Cys Leu Leu Leu His Leu Leu Leu Ser Gly Ala
145      150      155      160

tgc acc cag ttc ttc ggg gag ccc agc cgc cac ttg tgc cgg acg ctg      528
Cys Thr Gln Phe Phe Gly Glu Pro Ser Arg His Leu Cys Arg Thr Leu
165      170      175

tgg ctg gtg gca gcg gtg ctg ctg gct ctg ctg tgt tgc acc atg tgt      576
Trp Leu Val Ala Ala Val Leu Leu Ala Leu Leu Cys Cys Thr Met Cys
180      185      190

ggg gcc agc ctt atg ctg ctg ctg cgg gtg gag cga ggc ccc cag cgg      624
Gly Ala Ser Leu Met Leu Leu Leu Arg Val Glu Arg Gly Pro Gln Arg
195      200      205

ccc cca ccc cgg ggc ttc cct ggg ctc atc ctc ctc acc gtc ctc ctc      672
Pro Pro Pro Arg Gly Phe Pro Gly Leu Ile Leu Leu Thr Val Leu Leu
210      215      220

ttc ctc ttc tgc ggc ctg ccc ttc ggc atc tac tgg ctg tcc cgg aac      720
Phe Leu Phe Cys Gly Leu Pro Phe Gly Ile Tyr Trp Leu Ser Arg Asn
225      230      235      240

ctg ctc tgg tac atc ccc cac tac ttc tac cac ttc agc ttc ctc atg      768
Leu Leu Trp Tyr Ile Pro His Tyr Phe Tyr His Phe Ser Phe Leu Met
245      250      255

gcc gcc gtg cac tgc gcg gcc aag ccc gtc gtc tac ttc tgc ctg ggc      816
Ala Ala Val His Cys Ala Ala Lys Pro Val Val Tyr Phe Cys Leu Gly

```

05.10.04

XPs.ST25.txt

260

265

270

agt gcc cag ggc cgc agg ctg ccc ctc cgg ctg gtc ctc cag cga gcg	864
Ser Ala Gln Gly Arg Arg Leu Pro Leu Arg Leu Val Leu Gln Arg Ala	
275	280
ctg gga gac gag gct gag ctg ggg gcc gtc agg gag acc tcc cgc cgg	912
Leu Gly Asp Glu Ala Glu Leu Gly Ala Val Arg Glu Thr Ser Arg Arg	
290	300
ggc ctg cca gtt gct caa ggc cgt gca cct cag acc ggg acg atg caa	960
Gly Leu Pro Val Ala Gln Gly Arg Ala Pro Gln Thr Gly Thr Met Gln	
305	315
ccc tca ctc gga gct tca gaa aag ccg gcc cca tgg gtg tcc ctg gat	1008
Pro Ser Leu Gly Ala Ser Glu Lys Pro Ala Pro Trp Val Ser Leu Asp	
325	330
att agg agg agc cac aag gcc cca cca ggg acc cct ggc tgc cct aga	1056
Ile Arg Arg Ser His Lys Ala Pro Pro Gly Thr Pro Gly Cys Pro Arg	
340	345
ccc cac cct gca gga ccc tgg ggc ctc act gct caa agg cca cct cca	1104
Pro His Pro Ala Gly Pro Trp Gly Leu Thr Ala Gln Arg Pro Pro Pro	
355	360
cct ggg tgc cag gca aag ctc ctc ggt cag tgc cca gcc cac ccc atc	1152
Pro Gly Ser Gln Ala Lys Leu Leu Gly Gln Cys Pro Ala His Pro Ile	
370	375
cac ccg caa ccc cgg gcc cct gcg ggg ctg ccg cgg tca gca cag aat	1200
His Pro Gln Pro Arg Ala Pro Ala Gly Leu Pro Arg Ser Ala Gln Asn	
385	390
tcc caa gaa cag gcg gct act cct ggg ggc agc caa cat tcc agg gag	1248
Ser Gln Glu Gln Ala Ala Thr Pro Gly Gly Ser Gln His Ser Arg Glu	
405	410
cct gtg taa	1257
Pro Val	

<210> 40
 <211> 418
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 40

Met Glu Pro Arg Glu Ala Gly Gln His Val Gly Ala Ala Asn Gly Ala
 1 5 10 15

Gln Glu Asp Val Ala Phe Asn Leu Ile Ile Leu Ser Leu Thr Glu Gly
 20 25 30

Leu Gly Leu Gly Gly Leu Leu Gly Asn Gly Ala Val Leu Trp Leu Leu
 35 40 45

Ser Ser Asn Val Tyr Arg Asn Pro Phe Ala Ile Tyr Leu Leu Asp Val
 50 55 60

Ala Cys Ala Asp Leu Ile Phe Leu Gly Cys His Met Val Ala Ile Val
 65 70 75 80

06.10.04

XPs.ST25.txt

Pro Asp Leu Leu Gln Gly Arg Leu Asp Phe Pro Gly Phe Val Gln Thr
85 90 95

Ser Leu Ala Thr Leu Arg Phe Phe Cys Tyr Ile Val Gly Leu Ser Leu
100 105 110

Leu Ala Ala Val Ser Val Glu Gln Cys Leu Ala Ala Leu Phe Pro Ala
115 120 125

Trp Tyr Ser Cys Arg Arg Pro Arg His Leu Thr Thr Cys Val Cys Ala
130 135 140

Leu Thr Trp Ala Leu Cys Leu Leu Leu His Leu Leu Leu Ser Gly Ala
145 150 155 160

Cys Thr Gln Phe Phe Gly Glu Pro Ser Arg His Leu Cys Arg Thr Leu
165 170 175

Trp Leu Val Ala Ala Val Leu Leu Ala Leu Leu Cys Cys Thr Met Cys
180 185 190

Gly Ala Ser Leu Met Leu Leu Leu Arg Val Glu Arg Gly Pro Gln Arg
195 200 205

Pro Pro Pro Arg Gly Phe Pro Gly Leu Ile Leu Leu Thr Val Leu Leu
210 215 220

Phe Leu Phe Cys Gly Leu Pro Phe Gly Ile Tyr Trp Leu Ser Arg Asn
225 230 235 240

Leu Leu Trp Tyr Ile Pro His Tyr Phe Tyr His Phe Ser Phe Leu Met
245 250 255

a Ala Val His Cys Ala Ala Lys Pro Val Val Tyr Phe Cys Leu Gly
260 265 270

Ser Ala Gln Gly Arg Arg Leu Pro Leu Arg Leu Val Leu Gln Arg Ala
275 280 285

Leu Gly Asp Glu Ala Glu Leu Gly Ala Val Arg Glu Thr Ser Arg Arg
290 295 300

Gly Leu Pro Val Ala Gln Gly Arg Ala Pro Gln Thr Gly Thr Met Gln
305 310 315 320

Pro Ser Leu Gly Ala Ser Glu Lys Pro Ala Pro Trp Val Ser Leu Asp
325 330 335

Ile Arg Arg Ser His Lys Ala Pro Pro Gly Thr Pro Gly Cys Pro Arg
340 345 350

05.10.04

XPs.ST25.txt

Pro His Pro Ala Gly Pro Trp Gly Leu Thr Ala Gln Arg Pro Pro Pro
355 360 365

Pro Gly Ser Gln Ala Lys Leu Leu Gly Gln Cys Pro Ala His Pro Ile
370 375 380

His Pro Gln Pro Arg Ala Pro Ala Gly Leu Pro Arg Ser Ala Gln Asn
385 390 395 400

Ser Gln Glu Gln Ala Ala Thr Pro Gly Gly Ser Gln His Ser Arg Glu
405 410 415

Pro Val

<210> 41
<211> 396
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (40)..(339)
<223>

<400> 41
ctgcaagacc gcatcgccac gttcttcttc ccaaaaggc atg atg ctc acc acg 54
Met Met Leu Thr Thr
1 5

gct gcg ctg atg ctc ttc ttc tta cac ctg ggc atc ttc atc aga gac 102
Ala Ala Leu Met Leu Phe Phe Leu His Leu Gly Ile Phe Ile Arg Asp
10 15 20

gtg cac aac ttc tgc atc acc tac cac tat gac cac atg agc ttt cac 150
Val His Asn Phe Cys Ile Thr Tyr His Tyr Asp His Met Ser Phe His
25 30 35

ac acg gtc gtc ctg atg ttc tcc cag gtg atc agc atc tgc tgg gct 198
Thr Thr Val Val Leu Met Phe Ser Gln Val Ile Ser Ile Cys Trp Ala
40 45 50

gcc atg ggg tca ctc tat gct gag atg aca gaa aac aat gct caa cgg 246
Ala Met Gly Ser Leu Tyr Ala Glu Met Thr Glu Asn Asn Ala Gln Arg
55 60 65

agc cat gtt ctt caa ccg cct gtc ctt gga gtt tct ggc cat cga gta 294
Ser His Val Leu Gln Pro Pro Val Leu Gly Val Ser Gly His Arg Val
70 75 80 85

ccg gga gga gca cca ctg agg cct ggg gag tcg gaa cag ggc taa 339
Pro Gly Gly Ala Pro Leu Arg Pro Gly Glu Ser Glu Gln Gly
90 95

ggaggggggaa gcaaaaggct gcctcgggtg ttttaataaa gttgttggtt atttcca 396

<210> 42
<211> 99
<212> PRT
<213> Homo sapiens

05.10.04

XPs.ST25.txt

<400> 42

Met Met Leu Thr Thr Ala Ala Leu Met Leu Phe Phe Leu His Leu Gly
1 5 10 15
Ile Phe Ile Arg Asp Val His Asn Phe Cys Ile Thr Tyr His Tyr Asp
20 25 30
His Met Ser Phe His Tyr Thr Val Val Leu Met Phe Ser Gln Val Ile
35 40 45
Ser Ile Cys Trp Ala Ala Met Gly Ser Leu Tyr Ala Glu Met Thr Glu
50 55 60
Asn Asn Ala Gln Arg Ser His Val Leu Gln Pro Pro Val Leu Gly Val
65 70 75 80
er Gly His Arg Val Pro Gly Gly Ala Pro Leu Arg Pro Gly Glu Ser
85 90 95
Glu Gln Gly

<210> 43
<211> 539
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (10)..(411)
<223>

<400> 43
ggtgcctta atg ttt gtg gca tgg atg act act gtt agc ata ggt gta ctg 51
1 Met Phe Val Ala Trp Met Thr Thr Val Ser Ile Gly Val Leu 10
ctt gcc cgg ttc ttc aag cca gtt tgg tca aaa gct ttc ttg ctt ggt 99
15 Val Ala Arg Phe Phe Lys Pro Val Trp Ser Lys Ala Phe Leu Leu Gly 20 25 30
gaa gca gct tgg ttt cag gtg cat cgg atg ctc atg ttc acc aca act 147
Glu Ala Ala Trp Phe Gln Val His Arg Met Leu Met Phe Thr Thr Thr 35 40 45
gtc ctc acc tgc att gct ttt gtt atg ccg ttt ata tac agg gga ggc 195
Val Leu Thr Cys Ile Ala Phe Val Met Pro Phe Ile Tyr Arg Gly Gly 50 55 60
tgg agt agg cat gca ggt tac cac cca tac ctc ggc tgt ata gtg atg 243
Trp Ser Arg His Ala Gly Tyr His Pro Tyr Leu Gly Cys Ile Val Met 65 70 75
act ttg gca gtt ctt cag cct ctt ctg gca gtc ttc agg cca cct tta 291
Thr Leu Ala Val Leu Gln Pro Leu Leu Ala Val Phe Arg Pro Pro Leu 80 85 90
cat gac cca aga agg caa atg ttt aac tgg act cat tgg agt atg gga 339
His Asp Pro Arg Arg Gln Met Phe Asn Trp Thr His Trp Ser Met Gly
Seite 52

05.10.04

XPs.ST25.txt
105

95

100

110

aca gct gct aga ata ata gca gac tta aaa caa tct gga aaa tgt ggg 387
Thr Ala Ala Arg Ile Ile Ala Asp Leu Lys Gln Ser Gly Lys Cys Gly
115 120 125

tgc atc tct ttt aag gat tgg tag attacgcagc cataaaaaag aatgaagtca 441
Cys Ile Ser Phe Lys Asp Trp
130

tgtcttttgt agcaacatgg atgctgctgg aagtgattat cctacatgaa ttaatgcaga 501
aacagaaaat cacataccac atgttctcac ttataaat 539

<210> 44
<211> 133
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 44

Met Phe Val Ala Trp Met Thr Thr Val Ser Ile Gly Val Leu Val Ala
5 10 15

Arg Phe Phe Lys Pro Val Trp Ser Lys Ala Phe Leu Leu Gly Glu Ala
20 25 30

Ala Trp Phe Gln Val His Arg Met Leu Met Phe Thr Thr Thr Val Leu
35 40 45

Thr Cys Ile Ala Phe Val Met Pro Phe Ile Tyr Arg Gly Gly Trp Ser
50 55 60

Arg His Ala Gly Tyr His Pro Tyr Leu Gly Cys Ile Val Met Thr Leu
65 70 75 80

Ala Val Leu Gln Pro Leu Leu Ala Val Phe Arg Pro Pro Leu His Asp
85 90 95

Pro Arg Arg Gln Met Phe Asn Trp Thr His Trp Ser Met Gly Thr Ala
100 105 110

Ala Arg Ile Ile Ala Asp Leu Lys Gln Ser Gly Lys Cys Gly Cys Ile
115 120 125

Ser Phe Lys Asp Trp
130

<210> 45
<211> 370
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (7)..(369)
<223>

05.10.04

XPs.ST25.txt

<400> 45
gcgtgc ttg atg gac atg aac gcg ctg ctg gac cga ttc cac aac tac 48
Leu Met Asp Met Asn Ala Leu Leu Asp Arg Phe His Asn Tyr
1 5 10

atc ctc ccg cac ctg cgg ggc gag gac cgc gtc tgc cac tgc aac tgt 96
Ile Leu Pro His Leu Arg Gly Glu Asp Arg Val Cys His Cys Asn Cys
15 20 25 30

ggc cgg cac cat atc cac tac gtg atc ccg tac gac ggg gac cag tcg 144
Gly Arg His His Ile His Tyr Val Ile Pro Tyr Asp Gly Asp Gln Ser
35 40 45

gtg gtg gac gcc tcc gag aac tac ttt gtg acg gac agt gtg acc aag 192
Val Val Asp Ala Ser Glu Asn Tyr Phe Val Thr Asp Ser Val Thr Lys
50 55 60

cag gag atc gac ctc atg ctg ggg ctg ctg ctg ggc ttt tgc atc agc 240
Gln Glu Ile Asp Leu Met Leu Gly Leu Leu Leu Gly Phe Cys Ile Ser
65 70 75

tgg ttc ctg gtg tgg atg gac ggc gtc ctg cac tgc gcc gtg cgc gcc 288
Trp Phe Leu Val Trp Met Asp Gly Val Leu His Cys Ala Val Arg Ala
80 85 90

tgg aga gcc gga cgg cgc tac gat ggc tcg tgg acc tgg ctg ccc aag 336
Trp Arg Ala Gly Arg Arg Tyr Asp Gly Ser Trp Thr Trp Leu Pro Lys
95 100 105 110

ctg tgc agc ctg cgg gag ctg ggc cgg cgg ccg c 370
Leu Cys Ser Leu Arg Glu Leu Gly Arg Arg Pro
115 120

<210> 46
<211> 121
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 46
Leu Met Asp Met Asn Ala Leu Leu Asp Arg Phe His Asn Tyr Ile Leu
1 5 10 15

Pro His Leu Arg Gly Glu Asp Arg Val Cys His Cys Asn Cys Gly Arg
20 25 30

His His Ile His Tyr Val Ile Pro Tyr Asp Gly Asp Gln Ser Val Val
35 40 45

Asp Ala Ser Glu Asn Tyr Phe Val Thr Asp Ser Val Thr Lys Gln Glu
50 55 60

Ile Asp Leu Met Leu Gly Leu Leu Leu Gly Phe Cys Ile Ser Trp Phe
65 70 75 80

Leu Val Trp Met Asp Gly Val Leu His Cys Ala Val Arg Ala Trp Arg
85 90 95

Ala Gly Arg Arg Tyr Asp Gly Ser Trp Thr Trp Leu Pro Lys Leu Cys
100 105 110

05.10.04

XPs.ST25.txt

Ser Leu Arg Glu Leu Gly Arg Arg Pro
115 120

<210> 47
<211> 1569
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1569)
<223>

<400> 47
atg cct gta ggg ggt ggc cct gag agt gtg ggc agg tgc aat ggc tgt 48
Met Pro Val Gly Gly Gly Pro Glu Ser Val Gly Arg Cys Asn Gly Cys
1 5 10 15
caa tgc cac ata aag ggc aag ggg atc tac atc cta aac agt gaa aga 96
Gln Cys His Ile Lys Gly Lys Gly Ile Tyr Ile Leu Asn Ser Glu Arg
20 25 30
aca gtg ccc gga gac tac atc tac atc agg aag aag aag cag caa aat 144
Pro Val Pro Gly Asp Tyr Ile Tyr Ile Arg Lys Lys Lys Gln Gln Asn
35 40 45
tct gac cca cag ccc aag agg ggt cgg ggc agc aga acc tca gcc aca 192
Ser Asp Pro Gln Pro Lys Arg Gly Arg Gly Ser Arg Thr Ser Ala Thr
50 55 60
gcc aat cac agc ggg gtc ctt cgg gga ggg gcg tgg cct gac aac ttc 240
Ala Asn His Ser Gly Val Leu Arg Gly Gly Ala Trp Pro Asp Asn Phe
65 70 75 80
ggc gac gcg gct gga cca atc cgg acg gag gag agc gaa gct cct ctg 288
Gly Asp Ala Ala Gly Pro Ile Arg Thr Glu Glu Ser Glu Ala Pro Leu
85 90 95
cac tgg gcc cag gtg cgc tcc tca gcg tct ccg ggt ggc ggg gcg cgc 336
His Trp Ala Gln Val Arg Ser Ser Ala Ser Pro Gly Gly Gly Ala Arg
100 105 110
ggg atg gag gag tct tgg gag gct gcg ccc gga ggc caa gcc ggg gca 384
Gly Met Glu Glu Ser Trp Glu Ala Ala Pro Gly Gly Gln Ala Gly Ala
115 120 125
gag ctc cca atg gag ccc gtg gga agc ctg gtc ccc acg ctg gag cag 432
Glu Leu Pro Met Glu Pro Val Gly Ser Leu Val Pro Thr Leu Glu Gln
130 135 140
ccg cag gtg ccc gcg aag gtg cga caa cct gaa ggt ccc gaa agc agc 480
Pro Gln Val Pro Ala Lys Val Arg Gln Pro Glu Gly Pro Glu Ser Ser
145 150 155 160
cca agt ccg gcc ggg gcc gtg gag aag gcg gcg ggc gca ggc ctg gag 528
Pro Ser Pro Ala Gly Ala Val Glu Lys Ala Ala Gly Ala Gly Leu Glu
165 170 175
ccc tcg agc aag aaa aag ccg cct tcg cct cgc ccc ggg tcc ccg cgc 576
Pro Ser Ser Lys Lys Lys Pro Pro Ser Pro Arg Pro Gly Ser Pro Arg
180 185 190
gtg ccg ccg ctc agc ctg ggc tac ggg gtc tgc ccc gag ccg ccg tca 624
Val Pro Pro Leu Ser Leu Gly Tyr Gly Val Cys Pro Glu Pro Pro Ser
195 200 205

05.10.04

XP5.ST25.txt

ccg ggc cct gcc ttg gtc aag ctg ccc cgg aat ggc gag gcg ccc ggg Pro Gly Pro Ala Leu Val Lys Leu Pro Arg Asn Gly Glu Ala Pro Gly	672
gct gag cct gcg ccc agc gcc tgg gcg ccc atg gag ctg cag gta gat Ala Glu Pro Ala Pro Ser Ala Trp Ala Pro Met Glu Leu Gln Val Asp	720
gtg cgc gtg aag ccc gtg ggc gcg gcc ggt ggc agc agc acg cca tcg Val Arg Val Lys Pro Val Gly Ala Ala Gly Gly Ser Ser Thr Pro Ser	768
ccc agg ccc tcc acg cgc ttc ctc aag gtg ccg gtg ccc gag tcc cct Pro Arg Pro Ser Thr Arg Phe Leu Lys Val Pro Val Pro Glu Ser Pro	816
gcc ttc tcc cgc cac gcg gac ccg gcg cac cag ctc ctg ctg cgc gca Ala Phe Ser Arg His Ala Asp Pro Ala His Gln Leu Leu Leu Arg Ala	864
cca tcc cag ggc ggc acg tgg ggc cgc cgc tcg ccg ctg gct gca gcc Pro Ser Gln Gly Gly Thr Trp Gly Arg Arg Ser Pro Leu Ala Ala Ala	912
gg acg gag agc ggc tgc gac gca gag ggc cgg gcc agc ccc gcg gaa Arg Thr Glu Ser Gly Cys Asp Ala Glu Gly Arg Ala Ser Pro Ala Glu	960
gga agc gcc ggc tcc ccg ggc tcc ccc acg tgc tgc cgc tgc aag gag Gly Ser Ala Gly Ser Pro Gly Ser Pro Thr Cys Cys Arg Cys Lys Glu	1008
ctg ggg ctg gag aag gag gat gcg gcg ctg ttg ccc cgc gcg ggg ttg Leu Gly Leu Glu Lys Glu Asp Ala Ala Leu Leu Pro Arg Ala Gly Leu	1056
gac ggc gac gag aag ctg ccc ccg gcc gta acg ctt acg ggg cta ccc Asp Gly Asp Glu Lys Leu Pro Arg Ala Val Thr Leu Thr Gly Leu Pro	1104
atg tac gtg aag tcc ctg tac tgg gcc ctg gcg ttc atg gct gtg ctc Met Tyr Val Lys Ser Leu Tyr Trp Ala Leu Ala Phe Met Ala Val Leu	1152
ctg gca gtc tct ggg gtt gtc att gtg gtc ctg gcc tca aga gca gga Leu Ala Val Ser Gly Val Val Ile Val Val Leu Ala Ser Arg Ala Gly	1200
gcc aga tgc cag cag tgc ccc cca ggc tgg gtg ttg tcc gag gag cac Ala Arg Cys Gln Gln Cys Pro Pro Gly Trp Val Leu Ser Glu Glu His	1248
tgt tac tac ttc tct gca gaa gcg cag gcc tgg gaa gcc agc cag gct Cys Tyr Tyr Phe Ser Ala Glu Ala Gln Ala Trp Glu Ala Ser Gln Ala	1296
ttc tgc tca gcc tac cac gct acc ctc ccc ctg cta agc cac acc cag Phe Cys Ser Ala Tyr His Ala Thr Leu Pro Leu Leu Ser His Thr Gln	1344
gac ttc ctg ggc aga tac cca gtc tcc agg cac tcc tgg gtg ggg gcc Asp Phe Leu Gly Arg Tyr Pro Val Ser Arg His Ser Trp Val Gly Ala	1392
tgg cga ggc ccc cag ggc tgg cac tgg atc gac gag gcc cca ctc ccg Trp Arg Gly Pro Gln Gly Trp His Trp Ile Asp Glu Ala Pro Leu Pro	1440

05.10.04

XPs.ST25.txt

ccc cag cta ctc cct gag gac ggc gag gac aat ctg gat atc aac tgt 1488
Pro Gln Leu Leu Pro Glu Asp Gly Glu Asp Asn Leu Asp Ile Asn Cys
485 490 495

ggg gcc ctg gag gaa ggc acg ctg gtg gct gca aac tgc agc act cca 1536
Gly Ala Leu Glu Glu Gly Thr Leu Val Ala Ala Asn Cys Ser Thr Pro
500 505 510

aga ccc tgg gtc tgt gcc aag ggg acc cag tga 1569
Arg Pro Trp Val Cys Ala Lys Gly Thr Gln
515 520

<210> 48
<211> 522
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 48

Met Pro Val Gly Gly Gly Pro Glu Ser Val Gly Arg Cys Asn Gly Cys
1 5 10 15

Gln Cys His Ile Lys Gly Lys Gly Ile Tyr Ile Leu Asn Ser Glu Arg
20 25 30

Pro Val Pro Gly Asp Tyr Ile Tyr Ile Arg Lys Lys Lys Gln Gln Asn
35 40 45

Ser Asp Pro Gln Pro Lys Arg Gly Arg Gly Ser Arg Thr Ser Ala Thr
50 55 60

Ala Asn His Ser Gly Val Leu Arg Gly Gly Ala Trp Pro Asp Asn Phe
65 70 75 80

Gly Asp Ala Ala Gly Pro Ile Arg Thr Glu Glu Ser Glu Ala Pro Leu
85 90 95

His Trp Ala Gln Val Arg Ser Ser Ala Ser Pro Gly Gly Gly Ala Arg
100 105 110

Gly Met Glu Glu Ser Trp Glu Ala Ala Pro Gly Gly Gln Ala Gly Ala
115 120 125

Glu Leu Pro Met Glu Pro Val Gly Ser Leu Val Pro Thr Leu Glu Gln
130 135 140

Pro Gln Val Pro Ala Lys Val Arg Gln Pro Glu Gly Pro Glu Ser Ser
145 150 155 160

Pro Ser Pro Ala Gly Ala Val Glu Lys Ala Ala Gly Ala Gly Leu Glu
165 170 175

Pro Ser Ser Lys Lys Lys Pro Pro Ser Pro Arg Pro Gly Ser Pro Arg
180 185 190

05.10.04

XPs.ST25.txt

Val Pro Pro Leu Ser Leu Gly Tyr Gly Val Cys Pro Glu Pro Pro Ser
195 200 205

Pro Gly Pro Ala Leu Val Lys Leu Pro Arg Asn Gly Glu Ala Pro Gly
210 215 220

Ala Glu Pro Ala Pro Ser Ala Trp Ala Pro Met Glu Leu Gln Val Asp
225 230 235 240

Val Arg Val Lys Pro Val Gly Ala Ala Gly Gly Ser Ser Thr Pro Ser
245 250 255

Pro Arg Pro Ser Thr Arg Phe Leu Lys Val Pro Val Pro Glu Ser Pro
260 265 270

Ala Phe Ser Arg His Ala Asp Pro Ala His Gln Leu Leu Leu Arg Ala
275 280 285

Pro Ser Gln Gly Gly Thr Trp Gly Arg Arg Ser Pro Leu Ala Ala Ala
290 295 300

Arg Thr Glu Ser Gly Cys Asp Ala Glu Gly Arg Ala Ser Pro Ala Glu
305 310 315 320

Gly Ser Ala Gly Ser Pro Gly Ser Pro Thr Cys Cys Arg Cys Lys Glu
325 330 335

Leu Gly Leu Glu Lys Glu Asp Ala Ala Leu Leu Pro Arg Ala Gly Leu
340 345 350

Asp Gly Asp Glu Lys Leu Pro Arg Ala Val Thr Leu Thr Gly Leu Pro
355 360 365

Met Tyr Val Lys Ser Leu Tyr Trp Ala Leu Ala Phe Met Ala Val Leu
370 375 380

Leu Ala Val Ser Gly Val Val Ile Val Val Leu Ala Ser Arg Ala Gly
385 390 395 400

Ala Arg Cys Gln Gln Cys Pro Pro Gly Trp Val Leu Ser Glu Glu His
405 410 415

Cys Tyr Tyr Phe Ser Ala Glu Ala Gln Ala Trp Glu Ala Ser Gln Ala
420 425 430

Phe Cys Ser Ala Tyr His Ala Thr Leu Pro Leu Leu Ser His Thr Gln
435 440 445

Asp Phe Leu Gly Arg Tyr Pro Val Ser Arg His Ser Trp Val Gly Ala
450 455 460

05.10.04

XPS.ST25.txt

Trp Arg Gly Pro Gln Gly Trp His Trp Ile Asp Glu Ala Pro Leu Pro
465 470 475 480

Pro Gln Leu Leu Pro Glu Asp Gly Glu Asp Asn Leu Asp Ile Asn Cys
485 490 495

Gly Ala Leu Glu Glu Gly Thr Leu Val Ala Ala Asn Cys Ser Thr Pro
500 505 510

Arg Pro Trp Val Cys Ala Lys Gly Thr Gln
515 520

<210> 49
<211> 888
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(888)
<223>

<400> 49
atg ccc cta agg aga agc tct gca gga cag ctc cga aag tca cat att 48
Met Pro Leu Arg Arg Ser Ser Ala Gly Gln Leu Arg Lys Ser His Ile
1 5 10 15

tca cag cct ctg ctc aac tca gaa aaa aac atc ttc aaa ggg cct cga 96
Ser Gln Pro Leu Leu Asn Ser Glu Lys Asn Ile Phe Lys Gly Pro Arg
20 25 30

caa aga gtc cct gta gac tgg atc aat cgt ctc gct aca acc cag aga 144
Gln Arg Val Pro Val Asp Trp Ile Asn Arg Leu Ala Thr Thr Gln Arg
35 40 45

agt tgg gca gag cct act ggc cgt cac tgg tcc ata gtt cta cca tgg 192
Ser Trp Ala Glu Pro Thr Gly Arg His Trp Ser Ile Val Leu Pro Trp
50 55 60

ctc ctc tca gct gac agt ggc tgt cag acg gtc aga gcc aaa caa gag 240
Leu Leu Ser Ala Asp Ser Gly Cys Gln Thr Val Arg Ala Lys Gln Glu
65 70 75 80

ctg ggc gcc tca ttc acc ttt cct ctg gct acc tct ctg ctg ctt ctc 288
Leu Gly Ala Ser Phe Thr Phe Pro Leu Ala Thr Ser Leu Leu Leu Leu
85 90 95

tta gaa tat ggg act cta gca agc ggc ccc acc att ccc cat cgt agt 336
Leu Glu Tyr Gly Thr Leu Ala Ser Gly Pro Thr Ile Pro His Arg Ser
100 105 110

cag cct gaa agc tgt gaa ctt ggt gtt gac ctg tgt ggc atc tgg agg 384
Gln Pro Glu Ser Cys Glu Leu Gly Val Asp Leu Cys Gly Ile Trp Arg
115 120 125

aag ctg tac tcc tgc agc agc tca gcc act acc ctt aca gtt ggc cat 432
Lys Leu Tyr Ser Cys Ser Ser Ser Ala Thr Thr Leu Thr Val Gly His
130 135 140

tcc agg agc aag tct gga gtt ttt cat aga ttt aag att tat gga gat 480
Ser Arg Ser Lys Ser Gly Val Phe His Arg Phe Lys Ile Tyr Gly Asp
145 150 155 160

tta aat ccc tgt atg ggc tca gag agc aga gac atc aga ata cta tat 528

08.10.04

XPs.ST25.txt

Leu Asn Pro Cys Met Gly Ser Glu Ser Arg Asp Ile Arg Ile Leu Tyr
 165 170 175

tta gta ttc ggc gca tca gag gga ata gcg ggc acc acc tta agc ctt 576
 Leu Val Phe Gly Ala Ser Glu Gly Ile Ala Gly Thr Thr Leu Ser Leu
 180 185 190

cta att caa gca gaa tta ggc caa cca gga act ctg cta gga gat gat 624
 Leu Ile Gln Ala Glu Leu Gly Gln Pro Gly Thr Leu Leu Gly Asp Asp
 195 200 205

cag att tac gat gtt act gtt acc gcc cac aca ttc gtc ata att tgt 672
 Gln Ile Tyr Asp Val Thr Val Thr Ala His Thr Phe Val Ile Ile Cys
 210 215 220

ctt tat gta gta gaa gcc agc gct gga acc ggc tgg aca gtt tat ccc 720
 Leu Tyr Val Val Glu Ala Ser Ala Gly Thr Gly Trp Thr Val Tyr Pro
 225 230 235 240

cct tta gca gga aac cta gca gga gcc tct gtg gat cta acc atc ttc 768
 Pro Leu Ala Gly Asn Leu Ala Gly Ala Ser Val Asp Leu Thr Ile Phe
 245 250 255

ca ctc cac ttg gca gtc cta gcc gct ggc att gcc ata tta tta act 816
 er Leu His Leu Ala Val Leu Ala Gly Ile Ala Ile Leu Leu Thr
 260 265 270

gac cgt aac ctc aat act act ttt gac cct gct ggc agg gca gtc 864
 Asp Arg Asn Leu Asn Thr Thr Phe Asp Pro Ala Gly Arg Ala Val
 275 280 285

ata tta ata att ttc ata atc tga 888
 Ile Leu Ile Ile Phe Ile Ile
 290 295

<210> 50
 <211> 295
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 50

Met Pro Leu Arg Arg Ser Ser Ala Gly Gln Leu Arg Lys Ser His Ile
 1 5 10 15

er Gln Pro Leu Leu Asn Ser Glu Lys Asn Ile Phe Lys Gly Pro Arg
 20 25 30

Gln Arg Val Pro Val Asp Trp Ile Asn Arg Leu Ala Thr Thr Gln Arg
 35 40 45

Ser Trp Ala Glu Pro Thr Gly Arg His Trp Ser Ile Val Leu Pro Trp
 50 55 60

Leu Leu Ser Ala Asp Ser Gly Cys Gln Thr Val Arg Ala Lys Gln Glu
 65 70 75 80

Leu Gly Ala Ser Phe Thr Phe Pro Leu Ala Thr Ser Leu Leu Leu Leu
 85 90 95

Leu Glu Tyr Gly Thr Leu Ala Ser Gly Pro Thr Ile Pro His Arg Ser
 Seite 60

05.10.04

100

XPs.ST25.txt
105

110

Gln Pro Glu Ser Cys Glu Leu Gly Val Asp Leu Cys Gly Ile Trp Arg
115 120 125

Lys Leu Tyr Ser Cys Ser Ser Ser Ala Thr Thr Leu Thr Val Gly His
130 135 140

Ser Arg Ser Lys Ser Gly Val Phe His Arg Phe Lys Ile Tyr Gly Asp
145 150 155 160

Leu Asn Pro Cys Met Gly Ser Glu Ser Arg Asp Ile Arg Ile Leu Tyr
165 170 175

Leu Val Phe Gly Ala Ser Glu Gly Ile Ala Gly Thr Thr Leu Ser Leu
180 185 190

Leu Ile Gln Ala Glu Leu Gly Gln Pro Gly Thr Leu Leu Gly Asp Asp
195 200 205

Gln Ile Tyr Asp Val Thr Val Thr Ala His Thr Phe Val Ile Ile Cys
210 215 220

Leu Tyr Val Val Glu Ala Ser Ala Gly Thr Gly Trp Thr Val Tyr Pro
225 230 235 240

Pro Leu Ala Gly Asn Leu Ala Gly Ala Ser Val Asp Leu Thr Ile Phe
245 250 255

Ser Leu His Leu Ala Val Leu Ala Ala Gly Ile Ala Ile Leu Leu Thr
260 265 270

Asp Arg Asn Leu Asn Thr Thr Phe Phe Asp Pro Ala Gly Arg Ala Val
275 280 285

Leu Ile Ile Phe Ile Ile
290 295

<210> 51
<211> 1008
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1008)
<223>

<400> 51
atg atg tgc aag gac aag gag tgc cgg ctc cag agt ctt cgg ggt ctc
Met Met Cys Lys Asp Lys Glu Cys Arg Leu Gln Ser Leu Arg Gly Leu
1 5 10 15

48

aga gaa gac cca gaa aca agg tct cca cga att aaa gca cca tca gga
Arg Glu Asp Pro Glu Thr Arg Ser Pro Arg Ile Lys Ala Pro Ser Gly

96

20	25	30	
gag aaa gac cat ccg gat ata gtc aat cag tgc gag gca gcc aca tac Glu Lys Asp His Pro Asp Ile Val Asn Gln Cys Glu Ala Ala Thr Tyr 35 40 45			144
aca agt aac cct tgt tta agc gtc agt gta cgc att ttc ggt tac atc Thr Ser Asn Pro Cys Leu Ser Val Ser Val Arg Ile Phe Gly Tyr Ile 50 55 60			192
tta tac ggc act atg gct gcc ggg gtg tgc tgc tgg gga gcg tgg agt Leu Tyr Gly Thr Met Ala Ala Gly Val Cys Cys Trp Gly Ala Trp Ser 65 70 75 80			240
ggg cag gac cac gct gga cac gca gtt cgc gtg cgg ccg ctc ccc gag Gly Gln Asp His Ala Gly His Ala Val Arg Val Arg Pro Leu Pro Glu 85 90 95			288
cag tgc gcg gcg tgg gcg gag gag cgg ctc cgc gag gag atc gag gcg Gln Cys Ala Ala Trp Ala Glu Glu Arg Leu Arg Glu Glu Ile Glu Ala 100 105 110			336
aac gcg gcg ccc gcg ttg ctg gag gtc gtg gac gcg gcg ggc gcc gag sn Ala Ala Pro Ala Leu Leu Glu Val Val Asp Ala Ala Gly Ala Glu 115 120 125			384
cac ctg gtc acg ctc cag gac ctg gac atc cgc cac ggc gac ggc tcc His Leu Val Thr Leu Gln Asp Leu Asp Ile Arg His Gly Asp Gly Ser 130 135 140			432
gcg gtg ctc ccg ggc gtg tgc agc gag gcc tcg ttc cgg gcc gtg agg Ala Val Leu Pro Gly Val Cys Ser Glu Ala Ser Phe Arg Ala Val Arg 145 150 155 160			480
ccg ccg agc aag cgc ctg cgc cgg ccg tgg gaa ccc ggg gcc gtc ccg Pro Pro Ser Lys Arg Leu Arg Arg Pro Trp Glu Pro Gly Ala Val Pro 165 170 175			528
cgg gtg ctg gtg ggc acc cag gcc gac ccg gac gac ggg cgc cag gtg Arg Val Leu Val Gly Thr Gln Ala Asp Pro Asp Asp Gly Arg Gln Val 180 185 190			576
ctg acg gcg ccg ggc cgc gag ggg cgc tcc ccg ttc ccg gag gtc atg Leu Thr Ala Arg Gly Arg Glu Gly Arg Ser Pro Phe Pro Glu Val Met 195 200 205			624
cc aag agc cag ccg atg gtg gac ccg gtg ttc atg cag gcg gtg cgc Ala Lys Ser Gln Arg Met Val Asp Arg Val Phe Met Gln Ala Val Arg 210 215 220			672
gag acg gag gcc ttg gtc ccg ccc gag gag gag aag agt gct gaa tgc Glu Thr Glu Ala Leu Val Pro Pro Glu Glu Glu Lys Ser Ala Glu Cys 225 230 235 240			720
ttg ctg cat atg ctt aac aat gca gag agc aat gct gaa ctg aag ggt Leu Leu His Met Leu Asn Asn Ala Glu Ser Asn Ala Glu Leu Lys Gly 245 250 255			768
tta ggt gta gat tct ctg gtc att gag cac ctc caa gtg aac aaa gca Leu Gly Val Asp Ser Leu Val Ile Glu His Leu Gln Val Asn Lys Ala 260 265 270			816
cct aag atg tgc cac cag acc tcc aga gct cat ggt ggg att aac cca Pro Lys Met Cys His Gln Thr Ser Arg Ala His Gly Gly Ile Asn Pro 275 280 285			864
tac atg agc tct ccc tgt cgc atc gaa atg atc ctt act gcg aag gaa Tyr Met Ser Ser Pro Cys Arg Ile Glu Met Ile Leu Thr Ala Lys Glu 290 295 300			912

05.10.04

XPs.ST25.txt
300

290

295

caa att gtt cct aaa cca gaa gat tgc cca caa gaa aaa gat atc cct 960
Gln Ile Val Pro Lys Pro Glu Asp Cys Pro Gln Glu Lys Asp Ile Pro
305 310 315 320

gag gaa aca aaa act tat ggc aca gga ata aat tca gca cta aaa taa 1008
Glu Glu Thr Lys Thr Tyr Gly Thr Gly Ile Asn Ser Ala Leu Lys
325 330 335

<210> 52
<211> 335
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 52

Met Met Cys Lys Asp Lys Glu Cys Arg Leu Gln Ser Leu Arg Gly Leu
1 5 10 15

Arg Glu Asp Pro Glu Thr Arg Ser Pro Arg Ile Lys Ala Pro Ser Gly
20 25 30

Glu Lys Asp His Pro Asp Ile Val Asn Gln Cys Glu Ala Ala Thr Tyr
35 40 45

Thr Ser Asn Pro Cys Leu Ser Val Ser Val Arg Ile Phe Gly Tyr Ile
50 55 60

Leu Tyr Gly Thr Met Ala Ala Gly Val Cys Cys Trp Gly Ala Trp Ser
65 70 75 80

Gly Gln Asp His Ala Gly His Ala Val Arg Val Arg Pro Leu Pro Glu
85 90 95

Gln Cys Ala Ala Trp Ala Glu Glu Arg Leu Arg Glu Glu Ile Glu Ala
100 105 110

Gln Ala Ala Pro Ala Leu Leu Glu Val Val Asp Ala Ala Gly Ala Glu
115 120 125

His Leu Val Thr Leu Gln Asp Leu Asp Ile Arg His Gly Asp Gly Ser
130 135 140

Ala Val Leu Pro Gly Val Cys Ser Glu Ala Ser Phe Arg Ala Val Arg
145 150 155 160

Pro Pro Ser Lys Arg Leu Arg Arg Pro Trp Glu Pro Gly Ala Val Pro
165 170 175

Arg Val Leu Val Gly Thr Gln Ala Asp Pro Asp Asp Gly Arg Gln Val
180 185 190

Leu Thr Ala Arg Gly Arg Glu Gly Arg Ser Pro Phe Pro Glu Val Met
195 200 205

05.10.04

XPs.ST25.txt

Ala Lys Ser Gln Arg Met Val Asp Arg Val Phe Met Gln Ala Val Arg
210 215 220

Glu Thr Glu Ala Leu Val Pro Pro Glu Glu Glu Lys Ser Ala Glu Cys
225 230 235 240

Leu Leu His Met Leu Asn Asn Ala Glu Ser Asn Ala Glu Leu Lys Gly
245 250 255

Leu Gly Val Asp Ser Leu Val Ile Glu His Leu Gln Val Asn Lys Ala
260 265 270

Pro Lys Met Cys His Gln Thr Ser Arg Ala His Gly Gly Ile Asn Pro
275 280 285

Tyr Met Ser Ser Pro Cys Arg Ile Glu Met Ile Leu Thr Ala Lys Glu
290 295 300

Gln Ile Val Pro Lys Pro Glu Asp Cys Pro Gln Glu Lys Asp Ile Pro
305 310 315 320

Glu Glu Thr Lys Thr Tyr Gly Thr Gly Ile Asn Ser Ala Leu Lys
325 330 335

<210> 53
<211> 3317
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (551)..(940)
<223>

<400> 53
cactgcgtc cccatcagct caaagaatac gcatggggac aagcctgggg ggccgtctga 60
agtcccca accctggatc cccacggcag cccccactgt tgggtttttc agtggctggt 120
gtgccctggg ctggtcacct ctgcattttg ctctgctggg agtttgctcc tggccctcca 180
acagcgctc ctctgtgagg aggaactcct gttcccgtag ctctgctggc tctggaggct 240
ggagttcccc tgctggggccc tcctgggcgg gttctctctt gctgccgcca gtaccctgcc 300
cctctcgtcc tcctgggtag cctgggagga atggcagaag aaagcagtga agccaggtag 360
cagtagcccc gccacccac caggctctgc ttaggctgg gctctcaagg cagctgctcc 420
aggaggggcc ccttaggaag ggactgccac actcctggga gcgttcctgg cccctccag 480
tgcaaatac cctgggcccc aaggctccga acaccgccc ctctgctcca ggctagcttg 540
gctgagcccc atg ctt ctc aag gtg agg agg gcg tcc ttg aag cct ccg 589
Met Leu Leu Lys Val Arg Arg Ala Ser Leu Lys Pro Pro
1 5 10

gcc acc cca cac caa gga gct ttc agg gca gga aat gtg atc ggg cag 637
Seite 64

05.10.04

XPs.ST25.txt

Ala Thr Pro His Gln Gly Ala Phe Arg Ala Gly Asn Val Ile Gly Gln	
15 20 25	
ctg att tat ctc ctt acc tgg tct ttg ttc aca gcc tgg ctc cgg ccc	685
Leu Ile Tyr Leu Leu Thr Trp Ser Leu Phe Thr Ala Trp Leu Arg Pro	
30 35 40 45	
ccc acc ctg ctg cag ggc ccg agg acg tct ccc cag ggg tcc cca cct	733
Pro Thr Leu Leu Gln Gly Pro Arg Thr Ser Pro Gln Gly Ser Pro Pro	
50 55 60	
cgg tct cct tgg ggg gac tgt gct gag ccc agc tgc ctc tgt gag atg	781
Arg Ser Pro Trp Gly Asp Cys Ala Glu Pro Ser Cys Leu Cys Glu Met	
65 70 75	
aag ata aga agg cga aga cat gaa ggg cct gcc tgg ggg cag tct ggc	829
Lys Ile Arg Arg Arg Arg His Glu Gly Pro Ala Trp Gly Gln Ser Gly	
80 85 90	
ttt ctt gca ggg ggg ctg cac ctg gtt ccc tcc tcc ctc tcg ctg gca	877
Phe Leu Ala Gly Gly Leu His Leu Val Pro Ser Ser Leu Ser Leu Ala	
95 100 105	
gcc tgc ggg gtg gtg agg atg aag ggg ctg tgg ggc cgg ggt gca ggg	925
Ala Cys Gly Val Val Arg Met Lys Gly Leu Trp Gly Arg Gly Ala Gly	
110 115 120 125	
att aga ggg agg tga ctgccatctc ttctctctca tcgtgttttt cacctcttaa	980
Ile Arg Gly Arg	
gtcaacttta gattctcgga ctcagagttc tctcctgacg gtggcaggggt cctcagatca	1040
ccggtgcaga cagggccaga cagggccaat gtggggaccc actcagcctg tggcctctgc	1100
aggagggagg tcggaggcct cagcagccac cccggccacc tctgaaaca gtgaatgtcc	1160
ttcattttca gctggcaagc tctgatctta caacgaggta tggaactggt cagaaaactt	1220
tcagcagacg ttcgagggaa aacagctcag cttcccatgc ccccccctc tgccaggagc	1280
gaccccatat cccccaaca gaattctggt agcccgggac cacaggggtct tctgtgcct	1340
cccctgccag ctctgcatga ctttgtcacg tacttgagtg ctggctgaga tgatgctacc	1400
gctaccaaac aggtgggagg ccagccccag cccagcccc agccccaccg gggccggagc	1460
ccggtgaa gaagcgtctg cctggttcgc aggtgtccag gacacaccag tcgcctgact	1520
cccggtcagg caaacgcaca catcaagttc ttgcaagcca gggctctgct ggcattttca	1580
agaggagggga gggtcctggc cctgaccaca gggctccctt aacaggagga gttacaaact	1640
cggcttctctg gggggcatcg tggggtgtgc tgccctgccag gagacccac tctgggtcac	1700
ggggttccgt cccacacagt ggcaggagcc atgcatgatt cttggctgaa gaagaacccg	1760
cacagctatg tggtctgccg cccagcaggg aagccccac atcagcccta agggaaacttc	1820
ccaaagctca gcaggtgcct cttcctgcc a tccgctaggt cttctcttgg cccctctccc	1880
aagccttgac ccatagctga cacttctaga aaagtcttta ccgagaaacg gaccggctgc	1940
atgggtggtg aggagggcag ttgcccaggg cctggcatca gaggggcctg tggctaaggc	2000
tgtcctgaaa ttcttaataca ttttacctct gaacttgccg gtttttggtg ttgttttttg	2060
aggcagagtc ttgctctgtc acccaggctg gagtgcagtg gtgcgatctt ggcttactgc	2120

05.10.04

XPs.ST25.txt

```

aacttccgac tcccagggtc aagcgattct cctgcctcag cctccccgagt agctgggact 2180
acagaagtgc accaccacac ccggttaatt tttgtatttt tagtagagac ggggtttcac 2240
catgttggcc aggctgatct caaactcctg atacacccgc ctcggcctct caaagcactg 2300
ggattacagg tgtgagccac cgcgcccggc ccttttcctg cctcctaaac aagtggccag 2360
gaattctcct cctgcaccgg gtccccagat tgtgtggcaa gccctgcaga tggcacaggg 2420
gactggttct tcctcgtgga aagccaggcc cggacacctc tcgggcatcg cctgttgggg 2480
tgacctccc acaccagcc tggaacccta gccagctcag cctccgtccg ctgagaaatc 2540
aaggtgacct tgtggctcag ccctcagggg gcactcacca cacaagagtt ccctttcaag 2600
acccctgtt cggggctggg gccccagga acggttgggg caccttcctg gggccctgtt 2660
tttccccagg agcggggcct gggagctgag ggcgtctcat ctccccacag gcatctgctg 2720
ctgctcctgg ctgccactca cccctgtgag atgctgaggg caggatacct gtctgtgcgg 2780
ggcgtgggaa aaaggagaa agcctggcag aggggtgggg gctaagaagc aaagggcgtg 2840
aaagggccac cgtgcacttt tgaagtctct acttgccagt ggccaccca cctctccctg 2900
ccctcatcca aggacggaca ggcctggcag gtggaccgga gctgtggggc agaagcatcc 2960
caggcctggc ctcagaggag ggaggccatg gtgaaagtgg aggctgtctg catccacctc 3020
cccagccttt gtcaccggga cctcagcctg accccaggcc caccacaggc tgctcaccga 3080
ggtgggtacc ctgcccaccg ccagctcaga tgcggtgtgt ggactccctt ctctctgggg 3140
gtgagcggga gttccctccc ctccacatca ggagctgggg gagagctgga gggccctggg 3200
atcccttga ccctgggtcat cagccccagc cctgacaggc cctgcgtgtg ccatgtgtgg 3260
cctgggtttg gagctcagca ccctgcggga attctattaa atctccgatt ttatctg 3317

```

<210> 54
 <211> 129
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<214> 54

Met Leu Leu Lys Val Arg Arg Ala Ser Leu Lys Pro Pro Ala Thr Pro
 1 5 10 15

His Gln Gly Ala Phe Arg Ala Gly Asn Val Ile Gly Gln Leu Ile Tyr
 20 25 30

Leu Leu Thr Trp Ser Leu Phe Thr Ala Trp Leu Arg Pro Pro Thr Leu
 35 40 45

Leu Gln Gly Pro Arg Thr Ser Pro Gln Gly Ser Pro Pro Arg Ser Pro
 50 55 60

Trp Gly Asp Cys Ala Glu Pro Ser Cys Leu Cys Glu Met Lys Ile Arg
 65 70 75 80

05.10.04

XPs.ST25.txt

Arg Arg Arg His Glu Gly Pro Ala Trp Gly Gln Ser Gly Phe Leu Ala
85 90 95

Gly Gly Leu His Leu Val Pro Ser Ser Leu Ser Leu Ala Ala Cys Gly
100 105 110

Val Val Arg Met Lys Gly Leu Trp Gly Arg Gly Ala Gly Ile Arg Gly
115 120 125

Arg

<210> 55
<211> 1635
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (209)..(1243)
<223>

<400> 55
gcctgtccct gccttaagtg cctactggat cccgggagcc tgggctgggg cctgggcact 60
gcttctctct tggccctca ggcccttgga agcagagaga gaacctcttg cagatcccag 120
gctcgtcccc agcacagcag acaccaggaa ggtggccaga gcctcactga gccgaaccga 180
cgcccgccca cccaccagc ctggagcc atg gat aaa ttc cgc atg ctc ttc 232
Met Asp Lys Phe Arg Met Leu Phe
1 5

cag cac ttc cag tca agc tcg gag tcg gtg atg aat ggc atc tgc ctg 280
Gln His Phe Gln Ser Ser Ser Glu Ser Val Met Asn Gly Ile Cys Leu
10 15 20

ctg ctg gct gcg gtc acc gtc aag ctg tac tcc tcc ttt gac ttc aac 328
Leu Leu Ala Ala Val Thr Val Lys Leu Tyr Ser Ser Phe Asp Phe Asn
25 30 35 40

tgt ccc tgc ctg gtg cac tac aat gca ctc tac ggc ctg ggc ctg ctg 376
As Pro Cys Leu Val His Tyr Asn Ala Leu Tyr Gly Leu Gly Leu Leu
45 50 55

ctg acg ccc ccg ctc gcc ctg ttt ctc tgc ggc ctc ctc gcc aac cgg 424
Leu Thr Pro Pro Leu Ala Leu Phe Leu Cys Gly Leu Leu Ala Asn Arg
60 65 70

cag tct gtg gtg atg gtc gag gag tgg cgc cgg ccc gca ggg cac cgg 472
Gln Ser Val Val Met Val Glu Glu Trp Arg Arg Pro Ala Gly His Arg
75 80 85

agg aag gac cca ggc atc atc agg tac atg tgc tcc tct gtg ctg cag 520
Arg Lys Asp Pro Gly Ile Ile Arg Tyr Met Cys Ser Ser Val Leu Gln
90 95 100

agg gcg ctg gcc gcc ccc ctg gtc tgg atc ctg ctg gcc ctc ctt gac 568
Arg Ala Leu Ala Ala Pro Leu Val Trp Ile Leu Leu Ala Leu Leu Asp
105 110 115 120

ggg aag tgc ttc gtg tgt gcc ttc agc agc tct gtg gac cct gag aag 616
Gly Lys Cys Phe Val Cys Ala Phe Ser Ser Ser Val Asp Pro Glu Lys

05.10.04

XPs.ST25.txt
130

125		135	
ttt ctg gac ttt gcc aac atg acc ccc agc cag gta cag ctc ttc ctg	664		
Phe Leu Asp Phe Ala Asn Met Thr Pro Ser Gln Val Gln Leu Phe Leu			
140	145	150	
gcc aag gtt ccc tgc aag gag gat gag ctg gtc agg gat agc cct gct	712		
Ala Lys Val Pro Cys Lys Glu Asp Glu Leu Val Arg Asp Ser Pro Ala			
155	160	165	
cgg aag gca gtg tct cgc tac ctg cgg tgc ctg tca cag gcc atc ggc	760		
Arg Lys Ala Val Ser Arg Tyr Leu Arg Cys Leu Ser Gln Ala Ile Gly			
170	175	180	
tgg agc gtc acc ctg ctg ctg atc atc gcg gcc ttc ctg gcc cgc tgc	808		
Trp Ser Val Thr Leu Leu Leu Ile Ile Ala Ala Phe Leu Ala Arg Cys			
185	190	195	200
ctg agg ccc tgc ttc gac cag aca gtc ttc ctg cag cgc aga tac tgg	856		
Leu Arg Pro Cys Phe Asp Gln Thr Val Phe Leu Gln Arg Arg Tyr Trp			
205	210	215	
agc aac tac gtg gac ctg gag cag aag ctc ttc gac gag acc tgc tgt	904		
Ser Asn Tyr Val Asp Leu Glu Gln Lys Leu Phe Asp Glu Thr Cys Cys			
220	225	230	
gag cat gcg cgg gac ttc gcg cac cgc tgc gtg ctg cac ttc ttt gcc	952		
Glu His Ala Arg Asp Phe Ala His Arg Cys Val Leu His Phe Phe Ala			
235	240	245	
agc atg cgg agt gag ctg cag gcg cgg ggg ctg cgc cgg ggc aat gca	1000		
Ser Met Arg Ser Glu Leu Gln Ala Arg Gly Leu Arg Arg Gly Asn Ala			
250	255	260	
ggc agg aga ctc gag ctc ccc gca gtg cct gag ccc cca gaa ggc ctg	1048		
Gly Arg Arg Leu Glu Leu Pro Ala Val Pro Glu Pro Pro Glu Gly Leu			
265	270	275	280
gat agt gga agt ggg aag gcc cac ctg cgc gca atc tcc agc cgg gag	1096		
Asp Ser Gly Ser Gly Lys Ala His Leu Arg Ala Ile Ser Ser Arg Glu			
285	290	295	
cag gtg gac cgc ctc cta agc acg tgg tac tcc agc aag ccg ccg ctg	1144		
Gln Val Asp Arg Leu Leu Ser Thr Trp Tyr Ser Ser Lys Pro Pro Leu			
300	305	310	
ac ctg gct gca tcc ccc ggg ctc tgc ggg ggt ggc ctt agc cac cgc	1192		
p Leu Ala Ser Pro Gly Leu Cys Gly Gly Gly Leu Ser His Arg			
315	320	325	
gcc cct acc ttg gca ctg ggc acg agg ctg tca caa cac acc gac gtg	1240		
Ala Pro Thr Leu Ala Leu Gly Thr Arg Leu Ser Gln His Thr Asp Val			
330	335	340	
tag ggtcctggcc aggcctgaag cggcagtggt cgcaggtgaa atgccgcgct	1293		
gacaaagtgc tggagtcttt ccaggccgtg gggacccac ggcaggcacc ctaagtcttg	1353		
ttagcctcct ttttaaagta gcccaatctc tgcctagttt ctgggtgtgg cctccagcgc	1413		
gcttcacaaa ctttaatgtg gactcgggtc accgagggcc ttgttaaata caggttcaga	1473		
cagtgtagcc aggaccgagt ctgagattct gcattttaaa caagctcctg gaggctgatg	1533		
tgcttttggt cagtgaacca aactttgagt agcaagaatc taagtaaadc tgccatgggt	1593		
tctgggttct agatgtcaat tctaaataat aataatgacc tt	1635		

05.10.04

XPs.ST25.txt

<210> 56
<211> 344
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 56

Met Asp Lys Phe Arg Met Leu Phe Gln His Phe Gln Ser Ser Ser Glu
1 5 10 15

Ser Val Met Asn Gly Ile Cys Leu Leu Leu Ala Ala Val Thr Val Lys
20 25 30

Leu Tyr Ser Ser Phe Asp Phe Asn Cys Pro Cys Leu Val His Tyr Asn
35 40 45

Ala Leu Tyr Gly Leu Gly Leu Leu Leu Thr Pro Pro Leu Ala Leu Phe
50 55 60

Leu Cys Gly Leu Leu Ala Asn Arg Gln Ser Val Val Met Val Glu Glu
5 70 75 80

Trp Arg Arg Pro Ala Gly His Arg Arg Lys Asp Pro Gly Ile Ile Arg
85 90 95

Tyr Met Cys Ser Ser Val Leu Gln Arg Ala Leu Ala Ala Pro Leu Val
100 105 110

Trp Ile Leu Leu Ala Leu Leu Asp Gly Lys Cys Phe Val Cys Ala Phe
115 120 125

Ser Ser Ser Val Asp Pro Glu Lys Phe Leu Asp Phe Ala Asn Met Thr
130 135 140

Pro Ser Gln Val Gln Leu Phe Leu Ala Lys Val Pro Cys Lys Glu Asp
145 150 155 160

Leu Leu Val Arg Asp Ser Pro Ala Arg Lys Ala Val Ser Arg Tyr Leu
165 170 175

Arg Cys Leu Ser Gln Ala Ile Gly Trp Ser Val Thr Leu Leu Ile
180 185 190

Ile Ala Ala Phe Leu Ala Arg Cys Leu Arg Pro Cys Phe Asp Gln Thr
195 200 205

Val Phe Leu Gln Arg Arg Tyr Trp Ser Asn Tyr Val Asp Leu Glu Gln
210 215 220

Lys Leu Phe Asp Glu Thr Cys Cys Glu His Ala Arg Asp Phe Ala His
225 230 235 240

05.10.04

XPs.ST25.txt

Arg Cys Val Leu His Phe Phe Ala Ser Met Arg Ser Glu Leu Gln Ala
245 250 255

Arg Gly Leu Arg Arg Gly Asn Ala Gly Arg Arg Leu Glu Leu Pro Ala
260 265 270

Val Pro Glu Pro Pro Glu Gly Leu Asp Ser Gly Ser Gly Lys Ala His
275 280 285

Leu Arg Ala Ile Ser Ser Arg Glu Gln Val Asp Arg Leu Leu Ser Thr
290 295 300

Trp Tyr Ser Ser Lys Pro Pro Leu Asp Leu Ala Ala Ser Pro Gly Leu
305 310 315 320

Cys Gly Gly Gly Leu Ser His Arg Ala Pro Thr Leu Ala Leu Gly Thr
325 330 335

Arg Leu Ser Gln His Thr Asp Val
340

<210> 57
<211> 957
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(957)
<223>

<400> 57
atg ggg aaa gcc ttt gca aag tta gga agg gtg aat aac aat tca atg 48
Met Gly Lys Ala Phe Ala Lys Leu Gly Arg Val Asn Asn Asn 15
1 5 10

gac aaa gaa gaa agg cca ttt att ctc ttg gag aaa aca aaa ctg cag 96
Asp Lys Glu Glu Arg Pro Phe Ile Leu Leu Glu Lys Thr Lys Leu Gln 20 25 30

att ctt gat gct gtg agg atg tgg ctt cag acg atg agc tgc tgc ctg 144
Asn Leu Asp Ala Val Arg Met Trp Leu Gln Thr Met Ser Cys Cys Leu 35 40 45

cat gct tgt ctg gaa gcc gac atc aag ccc att tgg cca gaa ata cct 192
His Ala Cys Leu Glu Ala Asp Ile Lys Pro Ile Trp Pro Glu Ile Pro 50 55 60

cta gag gtg gaa ctg gcc cag aag act gga ccc cca gag tgc tat gga 240
Leu Glu Val Glu Leu Ala Gln Lys Thr Gly Pro Pro Glu Cys Tyr Gly 65 70 75 80

atg tct atg gga aca aag gag gac cta atg gac agc aga gaa aca cga 288
Met Ser Met Gly Thr Lys Glu Asp Leu Met Asp Ser Arg Glu Thr Arg 85 90 95

tgc cca gct ctg gtc tgg atg cct act ggg gtg gct cac aat agg aca 336
Cys Pro Ala Leu Val Trp Met Pro Thr Gly Val Ala His Asn Arg Thr 100 105 110

acc ctg gag aat gcc ggt ggg cag atg gtt cag gac aga aaa aaa tta 384
Seite 70

05.10.04

XPs.ST25.txt

Thr	Leu	Glu	Asn	Ala	Gly	Gly	Gln	Met	Val	Gln	Asp	Arg	Lys	Lys	Leu		
		115					120					125					
gct	ttg	gtc	tca	tcc	aat	cag	ctt	gac	ttt	cct	gta	gga	gaa	gca	gca		432
Ala	Leu	Val	Ser	Ser	Asn	Gln	Leu	Asp	Phe	Pro	Val	Gly	Glu	Ala	Ala		
		130				135					140						
act	gga	agg	aaa	ggc	ctc	tgt	gtg	ggg	gct	ctg	cac	aag	ggg	act	aac		480
Thr	Gly	Arg	Lys	Gly	Leu	Cys	Val	Gly	Ala	Leu	His	Lys	Gly	Thr	Asn		
					150					155					160		
tgg	gac	tat	gat	gaa	gtc	gta	ggg	cac	tta	gaa	aat	gtt	ggt	gaa	aca		528
Trp	Asp	Tyr	Asp	Glu	Val	Val	Gly	His	Leu	Glu	Asn	Val	Gly	Glu	Thr		
				165					170					175			
aat	cga	aat	att	gtg	gcc	aaa	tcg	cag	ctg	tgt	aag	aga	gca	gga	gac		576
Asn	Arg	Asn	Ile	Val	Ala	Lys	Ser	Gln	Leu	Cys	Lys	Arg	Ala	Gly	Asp		
			180					185					190				
ata	tgt	gac	cga	ttt	tca	tgg	tta	gct	gag	agg	cac	acc	atc	gcc	tgg		624
Ile	Cys	Asp	Arg	Phe	Ser	Trp	Leu	Ala	Glu	Arg	His	Thr	Ile	Ala	Trp		
		195					200					205					
ggt	gag	agg	ctt	cag	tca	tgc	atg	ggt	gaa	aat	gat	ctc	cct	cca	tct		672
Gly	Glu	Arg	Leu	Gln	Ser	Cys	Met	Gly	Glu	Asn	Asp	Leu	Pro	Pro	Ser		
		210				215					220						
ctg	gcc	gac	ggg	cag	ctt	gct	gtt	gat	tat	gta	tta	att	tca	agt	ggt		720
Leu	Ala	Asp	Gly	Gln	Leu	Ala	Val	Asp	Tyr	Val	Leu	Ile	Ser	Ser	Gly		
					230					235					240		
cat	gcc	cct	gtt	cag	aat	tgc	aac	ttt	aga	gga	ata	tac	ccc	atg	ggc		768
His	Ala	Pro	Val	Gln	Asn	Cys	Asn	Phe	Arg	Gly	Ile	Tyr	Pro	Met	Gly		
				245					250					255			
gat	att	gtg	gct	gat	gag	ttg	atg	gtg	gtt	gcg	ttg	gtc	ctc	atg	tct		816
Asp	Ile	Val	Ala	Asp	Glu	Leu	Met	Val	Val	Ala	Leu	Val	Leu	Met	Ser		
			260					265					270				
ggt	cat	ggt	ttt	ctc	ctt	ctc	ttt	gta	aaa	ggg	gaa	atc	tac	ccc	aaa		864
Gly	His	Gly	Phe	Leu	Leu	Leu	Phe	Val	Lys	Gly	Glu	Ile	Tyr	Pro	Lys		
		275					280					285					
ttc	ttg	gat	gtt	tcc	tcc	att	tat	act	ttc	ttc	tcc	atg	cct	gtc	ttc		912
Phe	Leu	Asp	Val	Ser	Ser	Ile	Tyr	Thr	Phe	Phe	Ser	Met	Pro	Val	Phe		
		290				295					300						
c	acc	cca	att	cct	gtc	att	ttg	ttt	tcc	acc	aag	gga	agt	taa			957
er	Thr	Pro	Ile	Pro	Val	Ile	Leu	Phe	Ser	Thr	Lys	Gly	Ser				
					305					315							

<210> 58
 <211> 318
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 58

Met Gly Lys Ala Phe Ala Lys Leu Gly Arg Val Asn Asn Asn Ser Met
 1 5 10 15

Asp Lys Glu Glu Arg Pro Phe Ile Leu Leu Glu Lys Thr Lys Leu Gln
 20 25 30

Asn Leu Asp Ala Val Arg Met Trp Leu Gln Thr Met Ser Cys Cys Leu
 Seite 71

35

40

XPs.ST25.txt

45

His Ala Cys Leu Glu Ala Asp Ile Lys Pro Ile Trp Pro Glu Ile Pro
50 55 60

Leu Glu Val Glu Leu Ala Gln Lys Thr Gly Pro Pro Glu Cys Tyr Gly
65 70 75 80

Met Ser Met Gly Thr Lys Glu Asp Leu Met Asp Ser Arg Glu Thr Arg
85 90 95

Cys Pro Ala Leu Val Trp Met Pro Thr Gly Val Ala His Asn Arg Thr
100 105 110

Thr Leu Glu Asn Ala Gly Gly Gln Met Val Gln Asp Arg Lys Lys Leu
115 120 125

Ala Leu Val Ser Ser Asn Gln Leu Asp Phe Pro Val Gly Glu Ala Ala
130 135 140

Thr Gly Arg Lys Gly Leu Cys Val Gly Ala Leu His Lys Gly Thr Asn
145 150 155 160

Trp Asp Tyr Asp Glu Val Val Gly His Leu Glu Asn Val Gly Glu Thr
165 170 175

Asn Arg Asn Ile Val Ala Lys Ser Gln Leu Cys Lys Arg Ala Gly Asp
180 185 190

Ile Cys Asp Arg Phe Ser Trp Leu Ala Glu Arg His Thr Ile Ala Trp
195 200 205

Gly Glu Arg Leu Gln Ser Cys Met Gly Glu Asn Asp Leu Pro Pro Ser
210 215 220

Leu Ala Asp Gly Gln Leu Ala Val Asp Tyr Val Leu Ile Ser Ser Gly
225 230 235 240

His Ala Pro Val Gln Asn Cys Asn Phe Arg Gly Ile Tyr Pro Met Gly
245 250 255

Asp Ile Val Ala Asp Glu Leu Met Val Val Ala Leu Val Leu Met Ser
260 265 270

Gly His Gly Phe Leu Leu Leu Phe Val Lys Gly Glu Ile Tyr Pro Lys
275 280 285

Phe Leu Asp Val Ser Ser Ile Tyr Thr Phe Phe Ser Met Pro Val Phe
290 295 300

Ser Thr Pro Ile Pro Val Ile Leu Phe Ser Thr Lys Gly Ser
Seite 72

05.10.04

XPs.ST25.txt
315

305

310

<210> 59
 <211> 1413
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1413)
 <223>

<400> 59
 atg aat gat gat gga aaa gtc aat gct agc tct gag ggg tac ttt att 48
 Met Asn Asp Asp Gly Lys Val Asn Ala Ser Ser Glu Gly Tyr Phe Ile
 1 5 10 15
 tta gtt gga ttt tct aat tgg cct tat ctg gaa gta gtt ctc ttt gtg 96
 Leu Val Gly Phe Ser Asn Trp Pro Tyr Leu Glu Val Val Leu Phe Val
 20 25 30
 gtt att ttg atc ttc tgc ttg atg aca ctg ata gga aac ctg ttc atc 144
 Val Ile Leu Ile Phe Cys Leu Met Thr Leu Ile Gly Asn Leu Phe Ile
 35 40 45
 atc atc ctg acg tac ctg gac tcc cat ctc cat act ccc ttg tat ttc 192
 Ile Ile Leu Thr Tyr Leu Asp Ser His Leu His Thr Pro Leu Tyr Phe
 50 55 60
 ttc ctt tca aat ctc tca ttt ctg gat ctc tgc tac acc acc agc tct 240
 Phe Leu Ser Asn Leu Ser Phe Leu Asp Leu Cys Tyr Thr Thr Ser Ser
 65 70 75 80
 atc cct cag ttg ctg gtc agt ctc tgg ggt gtg gaa aag acc att tct 288
 Ile Pro Gln Leu Leu Val Ser Leu Trp Gly Val Glu Lys Thr Ile Ser
 85 90 95
 tat gct ggt tgc atg gtt caa ctt tac ttt ttt ctc aca ctg gga acc 336
 Tyr Ala Gly Cys Met Val Gln Leu Tyr Phe Phe Leu Thr Leu Gly Thr
 100 105 110
 aca gag tgt gtc cta ctg gtg gtg atg tcc tat gac cgt tat gca gct 384
 Thr Glu Cys Val Leu Leu Val Val Met Ser Tyr Asp Arg Tyr Ala Ala
 115 120 125
 atg tgt aga cct ttg cat tac act gtc ctc atg cac tct cgt ttc tgc 432
 Ile Cys Arg Pro Leu His Tyr Thr Val Leu Met His Ser Arg Phe Cys
 130 135 140
 cac ttg ttg gct gtg gct tct tgg gta agt ggt ttt aca aac cca gca 480
 His Leu Leu Ala Val Ala Ser Trp Val Ser Gly Phe Thr Asn Pro Ala
 145 150 155 160
 ctt cat tcc tcc ttc acc ttc tgg aat cat agt gtc ttg gca acc aaa 528
 Leu His Ser Ser Phe Thr Phe Trp Asn His Ser Val Leu Ala Thr Lys
 165 170 175
 ggc aga tct ggt gct atg gag gac ctg ctt act gct atg agg tgt tac 576
 Gly Arg Ser Gly Ala Met Glu Asp Leu Leu Thr Ala Met Arg Cys Tyr
 180 185 190
 ttt ata gag gtc ctg gag aag ctg att gag gcc acg tca atg ttg caa 624
 Phe Ile Glu Val Leu Glu Lys Leu Ile Glu Ala Thr Ser Met Leu Gln
 195 200 205
 gga gac atg aga ctc aca tca gag ttc tat ggc tta aca tgg ggg atg 672
 Gly Asp Met Arg Leu Thr Ser Glu Phe Tyr Gly Leu Thr Trp Gly Met

Seite 73

05.10.04

XPs.ST25.txt
220

210	215	220	
gtg atg ttg att aac ttc tgg ggc cca gaa aag acc atc agc tac att Val Met Leu Ile Asn Phe Trp Gly Pro Glu Lys Thr Ile Ser Tyr Ile 225 230 235 240			720
ggc tgt gcc att caa ctc tat gtt ttt ttg tgg ctt ggg gcc acg gaa Gly Cys Ala Ile Gln Leu Tyr Val Phe Leu Trp Leu Gly Ala Thr Glu 245 250 255			768
tat gtc ctt ctt gtt gtc atg gct gtg gat tgt tat gta gca gtg tgt Tyr Val Leu Leu Val Val Met Ala Val Asp Cys Tyr Val Ala Val Cys 260 265 270			816
cat cca ctg caa aat acc atg atc atg cac cca aaa ctt tgt ctg cag His Pro Leu Gln Asn Thr Met Ile Met His Pro Lys Leu Cys Leu Gln 275 280 285			864
ctg gct atc ttg gca tgg ggg act ggc ttg gcc cag tct ctg atc cag Leu Ala Ile Leu Ala Trp Gly Thr Gly Leu Ala Gln Ser Leu Ile Gln 290 295 300			912
tcc cct gcc acc ctc cgg tta ccc ttc tgc tcc cag cgg atg gtg gat Ser Pro Ala Thr Leu Arg Leu Pro Phe Cys Ser Gln Arg Met Val Asp 305 310 315 320			960
gat gtt gtt tgt gaa gtc cca gct ctg att cag ctc tcc agt act gat Asp Val Val Cys Glu Val Pro Ala Leu Ile Gln Leu Ser Ser Thr Asp 325 330 335			1008
act acc tac agt gaa att cag atg tct atc gcc agt gtt gtc ctc ctg Thr Thr Tyr Ser Glu Ile Gln Met Ser Ile Ala Ser Val Val Leu Leu 340 345 350			1056
gtg atg ccc ttg atc att atc ctt tcc tct tct ggt gct att gct aag Val Met Pro Leu Ile Ile Ile Leu Ser Ser Ser Gly Ala Ile Ala Lys 355 360 365			1104
gct gtg ctg aga att aag tca act gca gga cag aag aaa gca ttt ggc Ala Val Leu Arg Ile Lys Ser Thr Ala Gly Gln Lys Lys Ala Phe Gly 370 375 380			1152
acc tgc atc tct cac ctt ctt gtg gtt tct ctc ttt tat ggc act gtc Thr Cys Ile Ser His Leu Leu Val Val Ser Leu Phe Tyr Gly Thr Val 385 390 395 400			1200
ggt gtc tac ctt caa cca aaa aat cac tat cct cat gaa tgg ggc Gly Val Tyr Leu Gln Pro Lys Asn His Tyr Pro His Glu Trp Gly 405 410 415			1248
aaa ttt ctc act ctt ttc tac act gta gta acc cca act ctt aat ccc Lys Phe Leu Thr Leu Phe Tyr Thr Val Val Thr Pro Thr Leu Asn Pro 420 425 430			1296
ctc atc tac act cta agg aac aag gag att ttg gga ttg atg gat gtg Leu Ile Tyr Thr Leu Arg Asn Lys Glu Ile Leu Gly Leu Met Asp Val 435 440 445			1344
gcc ttg gat gaa caa agt ccc agt ggc caa tct tcc ctg gtg aaa gtc Ala Leu Asp Glu Gln Ser Pro Ser Gly Gln Ser Ser Leu Val Lys Val 450 455 460			1392
agc ctt gta cat cta act taa Ser Leu Val His Leu Thr 465 470			1413

<210> 60

05.10.04

XP.s.ST25.txt

<211> 470
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 60

Met Asn Asp Asp Gly Lys Val Asn Ala Ser Ser Glu Gly Tyr Phe Ile
1 5 10 15

Leu Val Gly Phe Ser Asn Trp Pro Tyr Leu Glu Val Val Leu Phe Val
20 25 30

Val Ile Leu Ile Phe Cys Leu Met Thr Leu Ile Gly Asn Leu Phe Ile
35 40 45

Ile Ile Leu Thr Tyr Leu Asp Ser His Leu His Thr Pro Leu Tyr Phe
50 55 60

Phe Leu Ser Asn Leu Ser Phe Leu Asp Leu Cys Tyr Thr Thr Ser Ser
65 70 75 80

Ile Pro Gln Leu Leu Val Ser Leu Trp Gly Val Glu Lys Thr Ile Ser
85 90 95

Tyr Ala Gly Cys Met Val Gln Leu Tyr Phe Phe Leu Thr Leu Gly Thr
100 105 110

Thr Glu Cys Val Leu Leu Val Val Met Ser Tyr Asp Arg Tyr Ala Ala
115 120 125

Val Cys Arg Pro Leu His Tyr Thr Val Leu Met His Ser Arg Phe Cys
130 135 140

His Leu Leu Ala Val Ala Ser Trp Val Ser Gly Phe Thr Asn Pro Ala
145 150 155 160

u His Ser Ser Phe Thr Phe Trp Asn His Ser Val Leu Ala Thr Lys
165 170 175

Gly Arg Ser Gly Ala Met Glu Asp Leu Leu Thr Ala Met Arg Cys Tyr
180 185 190

Phe Ile Glu Val Leu Glu Lys Leu Ile Glu Ala Thr Ser Met Leu Gln
195 200 205

Gly Asp Met Arg Leu Thr Ser Glu Phe Tyr Gly Leu Thr Trp Gly Met
210 215 220

Val Met Leu Ile Asn Phe Trp Gly Pro Glu Lys Thr Ile Ser Tyr Ile
225 230 235 240

Gly Cys Ala Ile Gln Leu Tyr Val Phe Leu Trp Leu Gly Ala Thr Glu
245 250 255

05.10.04

XP_S.ST25.txt

Tyr Val Leu Leu Val Val Met Ala Val Asp Cys Tyr Val Ala Val Cys
260 265 270

His Pro Leu Gln Asn Thr Met Ile Met His Pro Lys Leu Cys Leu Gln
275 280 285

Leu Ala Ile Leu Ala Trp Gly Thr Gly Leu Ala Gln Ser Leu Ile Gln
290 295 300

Ser Pro Ala Thr Leu Arg Leu Pro Phe Cys Ser Gln Arg Met Val Asp
305 310 315 320

Asp Val Val Cys Glu Val Pro Ala Leu Ile Gln Leu Ser Ser Thr Asp
325 330 335

Thr Thr Tyr Ser Glu Ile Gln Met Ser Ile Ala Ser Val Val Leu Leu
340 345 350

Val Met Pro Leu Ile Ile Ile Leu Ser Ser Ser Gly Ala Ile Ala Lys
355 360 365

Ala Val Leu Arg Ile Lys Ser Thr Ala Gly Gln Lys Lys Ala Phe Gly
370 375 380

Thr Cys Ile Ser His Leu Leu Val Val Ser Leu Phe Tyr Gly Thr Val
385 390 395 400

Thr Gly Val Tyr Leu Gln Pro Lys Asn His Tyr Pro His Glu Trp Gly
405 410 415

Lys Phe Leu Thr Leu Phe Tyr Thr Val Val Thr Pro Thr Leu Asn Pro
420 425 430

Ile Tyr Thr Leu Arg Asn Lys Glu Ile Leu Gly Leu Met Asp Val
435 440 445

Ala Leu Asp Glu Gln Ser Pro Ser Gly Gln Ser Ser Leu Val Lys Val
450 455 460

Ser Leu Val His Leu Thr
465 470

<210> 61
<211> 957
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(957)
<223>

05.10.04

XPs.ST25.txt

<400> 61
 atg gaa aat caa aac aat gtg act gaa ttc att ctt ctg ggt ctc aca 48
 Met Glu Asn Gln Asn Asn Val Thr Glu Phe Ile Leu Leu Gly Leu Thr
 1 5 10 15
 gag aac ctg gag ctg tgg aaa ata ttt tct gct gtg ttt ctt gtc atg 96
 Glu Asn Leu Glu Leu Trp Lys Ile Phe Ser Ala Val Phe Leu Val Met
 20 25 30
 tat gta gcc aca gtg ctg gaa aat cta ctt att gtg gta act att atc 144
 Tyr Val Ala Thr Val Leu Glu Asn Leu Leu Ile Val Val Thr Ile Ile
 35 40 45
 aca agt cag agt ctg agg tca cct atg tat ttt ttt ctt acc ttc ttg 192
 Thr Ser Gln Ser Leu Arg Ser Pro Met Tyr Phe Phe Leu Thr Phe Leu
 50 55 60
 tcc ctt ttg gat gtc atg ttc tca tct gtc gtt gcc ccc aag gtg att 240
 Ser Leu Leu Asp Val Met Phe Ser Ser Val Val Ala Pro Lys Val Ile
 65 70 75 80
 gta gac acc ctc tcc aag agc act acc atc tct ctc aaa ggc tgc ctc 288
 Val Asp Thr Leu Ser Lys Ser Thr Thr Ile Ser Leu Lys Gly Cys Leu
 85 90 95
 acc cag ctg ttt gtg gag cat ttc ttt ggt ggt gtg ggg atc atc ctc 336
 Thr Gln Leu Phe Val Glu His Phe Phe Gly Gly Val Gly Ile Ile Leu
 100 105 110
 ctc act gtg atg gcc tat gac cgc tac gtg gcc atc tgt aag ccc ctg 384
 Leu Thr Val Met Ala Tyr Asp Arg Tyr Val Ala Ile Cys Lys Pro Leu
 115 120 125
 cac tac acg atc atc atg agt cca cgg gtg tgc tgc cta atg gta gga 432
 His Tyr Thr Ile Ile Met Ser Pro Arg Val Cys Cys Leu Met Val Gly
 130 135 140
 ggg gct tgg gtg ggg gga ttt atg cac gca atg ata caa ctt ctc ttc 480
 Gly Ala Trp Val Gly Gly Phe Met His Ala Met Ile Gln Leu Leu Phe
 145 150 155 160
 atg tat caa ata ccc ttc tgt ggt cct aat atc ata gat cac ttt ata 528
 Met Tyr Gln Ile Pro Phe Cys Gly Pro Asn Ile Ile Asp His Phe Ile
 165 170 175
 tgt gat ttg ttt cag ttg ttg aca ctt gcc tgc acg gac acc cac atc 576
 S Asp Leu Phe Gln Leu Leu Thr Leu Ala Cys Thr Asp Thr His Ile
 180 185 190
 ctg ggc ctc tta gtt acc ctc aac agt ggg atg atg tgt gtg gcc atc 624
 Leu Gly Leu Leu Val Thr Leu Asn Ser Gly Met Met Cys Val Ala Ile
 195 200 205
 ttt ctt atc tta att gcg tcc tac acg gtc atc cta tgc tcc ctg aag 672
 Phe Leu Ile Leu Ile Ala Ser Tyr Thr Val Ile Leu Cys Ser Leu Lys
 210 215 220
 tct tac agc tct aaa ggg cgg cac aaa gcc ctc tct acc tgc agc tcc 720
 Ser Tyr Ser Ser Lys Gly Arg His Lys Ala Leu Ser Thr Cys Ser Ser
 225 230 235 240
 cac ctc acg gtg gtt gta ttg ttc ttt gtc ccc tgt att ttc ttg tac 768
 His Leu Thr Val Val Val Leu Phe Phe Val Pro Cys Ile Phe Leu Tyr
 245 250 255
 atg agg cct gtg gtc act cac ccc ata gac aag gca atg gct gtg tca 816
 Met Arg Pro Val Val Thr His Pro Ile Asp Lys Ala Met Ala Val Ser
 260 265 270

05.10.04

XPs.ST25.txt

gac tca atc atc aca ccc atg tta aat ccc ttg atc tat aca ctg agg 864
Asp Ser Ile Ile Thr Pro Met Leu Asn Pro Leu Ile Tyr Thr Leu Arg
275 280 285

aat gca gag aac ata caa ata ttt gtt ttt gtg ttc tta ttt tgt aat 912
Asn Ala Glu Asn Ile Gln Ile Phe Val Phe Val Phe Leu Phe Cys Asn
290 295 300

gtt gcc atc ttg gtg gga aac ttt ctg atc ctt atc tct att tga 957
Val Ala Ile Leu Val Gly Asn Phe Leu Ile Leu Ile Ser Ile
305 310 315

<210> 62
<211> 318
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 62

Met Glu Asn Gln Asn Asn Val Thr Glu Phe Ile Leu Leu Gly Leu Thr
1 5 10 15

Ile Asn Leu Glu Leu Trp Lys Ile Phe Ser Ala Val Phe Leu Val Met
20 25 30

Tyr Val Ala Thr Val Leu Glu Asn Leu Leu Ile Val Val Thr Ile Ile
35 40 45

Thr Ser Gln Ser Leu Arg Ser Pro Met Tyr Phe Phe Leu Thr Phe Leu
50 55 60

Ser Leu Leu Asp Val Met Phe Ser Ser Val Val Ala Pro Lys Val Ile
65 70 75 80

Val Asp Thr Leu Ser Lys Ser Thr Thr Ile Ser Leu Lys Gly Cys Leu
85 90 95

Thr Gln Leu Phe Val Glu His Phe Phe Gly Gly Val Gly Ile Ile Leu
100 105 110

Leu Thr Val Met Ala Tyr Asp Arg Tyr Val Ala Ile Cys Lys Pro Leu
115 120 125

His Tyr Thr Ile Ile Met Ser Pro Arg Val Cys Cys Leu Met Val Gly
130 135 140

Gly Ala Trp Val Gly Gly Phe Met His Ala Met Ile Gln Leu Leu Phe
145 150 155 160

Met Tyr Gln Ile Pro Phe Cys Gly Pro Asn Ile Ile Asp His Phe Ile
165 170 175

Cys Asp Leu Phe Gln Leu Leu Thr Leu Ala Cys Thr Asp Thr His Ile
180 185 190

05.10.04

XPs.ST25.txt

Leu Gly Leu Leu Val Thr Leu Asn Ser Gly Met Met Cys Val Ala Ile
195 200 205

Phe Leu Ile Leu Ile Ala Ser Tyr Thr Val Ile Leu Cys Ser Leu Lys
210 215 220

Ser Tyr Ser Ser Lys Gly Arg His Lys Ala Leu Ser Thr Cys Ser Ser
225 230 235 240

His Leu Thr Val Val Val Leu Phe Phe Val Pro Cys Ile Phe Leu Tyr
245 250 255

Met Arg Pro Val Val Thr His Pro Ile Asp Lys Ala Met Ala Val Ser
260 265 270

Asp Ser Ile Ile Thr Pro Met Leu Asn Pro Leu Ile Tyr Thr Leu Arg
275 280 285

Asn Ala Glu Asn Ile Gln Ile Phe Val Phe Val Phe Leu Phe Cys Asn
290 295 300

Val Ala Ile Leu Val Gly Asn Phe Leu Ile Leu Ile Ser Ile
305 310 315

<210> 63
<211> 1023
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1023)
<223>

<400> 63
atg cac agc atg ggt ggc tgc ggt agc agc agc aac tgc tgg gcg agt 48
Met His Ser Met Gly Gly Cys Gly Ser Ser Ser Asn Cys Trp Ala Ser
5 10 15

gag tct ggg aag agg ccc cag atg cta agg aat ggc agc ata gtg acg 96
Glu Ser Gly Lys Arg Pro Gln Met Leu Arg Asn Gly Ser Ile Val Thr
20 25 30

gaa ttt atc ctc gtg ggc ttt cag cag agc tcc act tcc aca cga gca 144
Glu Phe Ile Leu Val Gly Phe Gln Gln Ser Ser Thr Ser Thr Arg Ala
35 40 45

ttg ctc ttt gcc ctc ttc ttg gcc ctc tac agc ctc acc atg gcc atg 192
Leu Leu Phe Ala Leu Phe Leu Ala Leu Tyr Ser Leu Thr Met Ala Met
50 55 60

aat ggc ctc atc atc ttt atc acc tcc tgg aca gac ccc aag ctc aac 240
Asn Gly Leu Ile Ile Phe Ile Thr Ser Trp Thr Asp Pro Lys Leu Asn
65 70 75 80

agc ccc atg tac ttc ttc ctc ggc cat ctg tct ctc ctg gat gtc tgc 288
Ser Pro Met Tyr Phe Phe Leu Gly His Leu Ser Leu Leu Asp Val Cys
85 90 95

05.10.04

XPs.ST25.txt

ttc atc acc act acc atc cca cag atg ttg atc cac ctc gtg gtc agg Phe Ile Thr Thr Thr Ile Pro Gln Met Leu Ile His Leu Val Val Arg 100 105 110	336
gac cac att gtc tcc ttt gta tgt tgc atg acc cag atg tac ttt gtc Asp His Ile Val Ser Phe Val Cys Cys Met Thr Gln Met Tyr Phe Val 115 120 125	384
ttc tgt gtt ggt gtg gcc gag tgc atc ctc ttg gct ttc atg gcc tat Phe Cys Val Gly Val Ala Glu Cys Ile Leu Leu Ala Phe Met Ala Tyr 130 135 140	432
gac cgt tat gtt gct atc tgc tac cca ctt aac tat gtc ccg atc ata Asp Arg Tyr Val Ala Ile Cys Tyr Pro Leu Asn Tyr Val Pro Ile Ile 145 150 155 160	480
agc cag aag gtc tgt gtc agg ctt gtg gga act gcc tgg ttc ttt ggg Ser Gln Lys Val Cys Val Arg Leu Val Gly Thr Ala Trp Phe Phe Gly 165 170 175	528
ctg atc aat ggc atc ttt ctc gag tat att tca ttc cga gag ccc ttc Leu Ile Asn Gly Ile Phe Leu Glu Tyr Ile Ser Phe Arg Glu Pro Phe 180 185 190	576
agc aga gac aac cac ata gaa agc ttc ttc tgt gag gcc ccc ata gtg Arg Arg Asp Asn His Ile Glu Ser Phe Phe Cys Glu Ala Pro Ile Val 195 200 205	624
att ggc ctc tct tgt ggg gac cct cag ttt agt ctg tgg gca atc ttt Ile Gly Leu Ser Cys Gly Asp Pro Gln Phe Ser Leu Trp Ala Ile Phe 210 215 220	672
gcc gat gcc atc gtg gta att ctc agc ccc atg gtg ctc act gtc act Ala Asp Ala Ile Val Val Ile Leu Ser Pro Met Val Leu Thr Val Thr 225 230 235 240	720
tcc tat gtg cac atc ctg gcc acc atc ctc agc aaa gcc tcc tcc tca Ser Tyr Val His Ile Leu Ala Thr Ile Leu Ser Lys Ala Ser Ser Ser 245 250 255	768
ggc cgg ggg aag act ttc tct act tgt gcc tct cac ctg act gtg gtc Gly Arg Gly Lys Thr Phe Ser Thr Cys Ala Ser His Leu Thr Val Val 260 265 270	816
atc ttt ctc tac act tca gct atg ttc tct tac atg aac ccc cac agc Ile Phe Leu Tyr Thr Ser Ala Met Phe Ser Tyr Met Asn Pro His Ser 275 280 285	864
gaa cat ggg cct gac aaa gac aaa cct ttc tcc ctc ctg tac acc atc Thr His Gly Pro Asp Lys Asp Lys Pro Phe Ser Leu Leu Tyr Thr Ile 290 295 300	912
att acc ccc atg tgc aac ccc atc att tat agt ttc cgc aac aag gaa Ile Thr Pro Met Cys Asn Pro Ile Ile Tyr Ser Phe Arg Asn Lys Glu 305 310 315 320	960
att aag gag gcc atg gtg agg gca ctt gga aga acc agg ctg gcc cag Ile Lys Glu Ala Met Val Arg Ala Leu Gly Arg Thr Arg Leu Ala Gln 325 330 335	1008
cca cag tct gtc tag Pro Gln Ser Val 340	1023

<210> 64
<211> 340
<212> PRT

05.10.04

XPs.ST25.txt

<213> Homo sapiens

<400> 64

Met His Ser Met Gly Gly Cys Gly Ser Ser Ser Asn Cys Trp Ala Ser
1 5 10 15

Glu Ser Gly Lys Arg Pro Gln Met Leu Arg Asn Gly Ser Ile Val Thr
20 25 30

Glu Phe Ile Leu Val Gly Phe Gln Gln Ser Ser Thr Ser Thr Arg Ala
35 40 45

Leu Leu Phe Ala Leu Phe Leu Ala Leu Tyr Ser Leu Thr Met Ala Met
50 55 60

Asn Gly Leu Ile Ile Phe Ile Thr Ser Trp Thr Asp Pro Lys Leu Asn
65 70 75 80

Ser Pro Met Tyr Phe Phe Leu Gly His Leu Ser Leu Leu Asp Val Cys
85 90 95

Phe Ile Thr Thr Thr Ile Pro Gln Met Leu Ile His Leu Val Val Arg
100 105 110

Asp His Ile Val Ser Phe Val Cys Cys Met Thr Gln Met Tyr Phe Val
115 120 125

Phe Cys Val Gly Val Ala Glu Cys Ile Leu Leu Ala Phe Met Ala Tyr
130 135 140

Asp Arg Tyr Val Ala Ile Cys Tyr Pro Leu Asn Tyr Val Pro Ile Ile
145 150 155 160

Ser Gln Lys Val Cys Val Arg Leu Val Gly Thr Ala Trp Phe Phe Gly
165 170 175

Leu Ile Asn Gly Ile Phe Leu Glu Tyr Ile Ser Phe Arg Glu Pro Phe
180 185 190

Arg Arg Asp Asn His Ile Glu Ser Phe Phe Cys Glu Ala Pro Ile Val
195 200 205

Ile Gly Leu Ser Cys Gly Asp Pro Gln Phe Ser Leu Trp Ala Ile Phe
210 215 220

Ala Asp Ala Ile Val Val Ile Leu Ser Pro Met Val Leu Thr Val Thr
225 230 235 240

Ser Tyr Val His Ile Leu Ala Thr Ile Leu Ser Lys Ala Ser Ser Ser
245 250 255

05.10.04

XPs.ST25.txt

Gly Arg Gly Lys Thr Phe Ser Thr Cys Ala Ser His Leu Thr Val Val
 260 265 270

Ile Phe Leu Tyr Thr Ser Ala Met Phe Ser Tyr Met Asn Pro His Ser
 275 280 285

Thr His Gly Pro Asp Lys Asp Lys Pro Phe Ser Leu Leu Tyr Thr Ile
 290 295 300

Ile Thr Pro Met Cys Asn Pro Ile Ile Tyr Ser Phe Arg Asn Lys Glu
 305 310 315 320

Ile Lys Glu Ala Met Val Arg Ala Leu Gly Arg Thr Arg Leu Ala Gln
 325 330 335

Pro Gln Ser Val
 340

<210> 65
 <211> 2761
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (559)..(1041)
 <223>

<400> 65
 ctaggcctca gtctgtctgc atccaggtgc ttattaaaac agtgtgttgc tccacaccgc 60
 ctctgtgttgt ctgttggcgc gctctccggg ttccaaccaa tgcaagagcc ttggggctgg 120
 ccctgaaacc tgcgaggggc ttccgtccac gtccccagtg gacctaccac ccctccatct 180
 gggaaagcag gccacagcag ccggacaaag gaagctcctc agcctctagt cgctctctgt 240
 tgcattgcaca tcgggtcactg atctcgcta ctggcacaga cgtgtttatc ggccaaactg 300
 accctcaca aaagctacca ccgaagtggc caggccccta cactgtgata ctcagcacac 360
 actgcagt gagagtccga ggactcccca actggatcca tcgcaccagg gtcaagctca 420
 cccccaaggc agcttcttcc tccaaaacat taacagctaa gtgtttgtct gggccaattt 480
 ctctaccaa gtttaaatta accaacattt ttttcttaa accaaaacac aaggaagact 540
 aaccacgtgc ttccagga atg gcc tgt atc tac cca acc act ttc tat acc 591
 Met Ala Cys Ile Tyr Pro Thr Thr Phe Tyr Thr
 1 5 10
 tct ctt cca acc aaa agt ctt aat atg gga ata tcc ctc acc acg atc 639
 Ser Leu Pro Thr Lys Ser Leu Asn Met Gly Ile Ser Leu Thr Thr Ile
 15 20 25
 cta ata ctg tca gta gct gtc ctg ctg tcc aca gca gcc cct ccg agc 687
 Leu Ile Leu Ser Val Ala Val Leu Leu Ser Thr Ala Ala Pro Pro Ser
 30 35 40
 tgc cgt gag tgt tat cag tct ttg cac tac aga ggg gag atg caa caa 735
 Cys Arg Glu Cys Tyr Gln Ser Leu His Tyr Arg Gly Glu Met Gln Gln
 45 50 55

05.10.04

XPs.ST25.txt

tac ttt act tac cat act cat ata gaa aga tcc tgt tat gga aac tta Tyr Phe Thr Tyr His Thr His Ile Glu Arg Ser Cys Tyr Gly Asn Leu 60 65 70 75	783
atc gag gaa tgt gtt gaa tca gga aag agt tat tat aaa gta aag aat Ile Glu Glu Cys Val Glu Ser Gly Lys Ser Tyr Tyr Lys Val Lys Asn 80 85 90	831
cta gga gta tgt ggc agt cgt aat ggg gct att tgc ccc aga ggg aag Leu Gly Val Cys Gly Ser Arg Asn Gly Ala Ile Cys Pro Arg Gly Lys 95 100 105	879
cag tgg ctt tgc ttc acc aaa att gga caa tgg gga gta aac act cag Gln Trp Leu Cys Phe Thr Lys Ile Gly Gln Trp Gly Val Asn Thr Gln 110 115 120	927
gtg ctt gag gac ata aag aga gaa cag att ata gcc aaa gcc aaa gcc Val Leu Glu Asp Ile Lys Arg Glu Gln Ile Ile Ala Lys Ala Lys Ala 125 130 135	975
tca aaa cca aca act ccc cct gaa aat cgc ccg cgg cat ttc cat tcc Ser Lys Pro Thr Thr Pro Pro Glu Asn Arg Pro Arg His Phe His Ser 140 145 150 155	1023
ttt ata caa aaa cta taa gcagatgcat cccttcctaa gccaggaaaa Phe Ile Gln Lys Leu 160	1071
aatctgtttg tagatctagg agaaccattg tgcttaccat gaatgtgtcc aattgttggg	1131
tatgcggggg agctttatga gtgaacagtg gctgtgggac gggatagaca ttccccctta	1191
cttacaggca tcccaaaacc ccagactcac tttcactcct caggaatgcc cgcagtcctg	1251
gacacttacc aaccagtat gagggacggt gtgcatatcc cgcaagtgga ctgataaaac	1311
ccatcgcgcc gtaggtgaaa acccgtcacc aaaccctaac agtcaatgcc tccatagctg	1371
agtgggtggc aaggttaccc cctggagcct ggtctccttc taacttaagc tacctcaatt	1431
gtgtcttgtc aaaaaaggcc tggtactgta cgaacaccac taacccttat gccgcatacc	1491
tccgcctaag tgtactatgc gacaatccta ggaacaccag ctgacaatgg actgccactg	1551
acggattcct gtggatatgg ggaaccagg cttactcaca gctaccttat cactggcaag	1611
acttgctt cctaggcaca attcaacctg gattcttttt acttccgaag caggcgggca	1671
acaccctcag agtccctgtg tatgataacc agagaaaaat gatccttgga ggtaggaggg	1731
agccaaagat tgtgagagga cgagtggcct ctgcaacgga tcattgaata ctatggtcct	1791
gccacttggg cagaggatgg ttcattgggg tatcgcactc ccatatatat gccaaataga	1851
gcgattagac tacaagctgt tctagagata atcactaacc aaactgcctc agccctagaa	1911
atgctcgcg aacaacaaaa ccaaatgcgc gcggcaattt atcaaaacag gctggcccta	1971
gactacttat tagcagaaga gggtaggggc tgtggtgaagt ttaacatctc caattgctgt	2031
cttaacatag gcaataatgg agaagagggt ctggaaatcg cttcaaacad cagaaaagta	2091
gcccggttac cagtccaaac ctggggaggga tgggaccag caaaccttct aggaggggtg	2151
ttctctaatt taggaggatt taaaatgctg gtggggacag tcattttcat cactgggggtc	2211
ctcctgtttc tcccctgtgg tatcccatta aaactcttgt tgaaactaca gttaacctcc	2271

08.10.04

XPs.ST25.txt

tgacaatcca gatgatgctc ctgctacagc ggcacgatgg ataccaaccc gtctctcaag 2331
aataccccaa aaattaagtt tttctttttc caagggtgcc acgccacccc tatgtcacgc 2391
ctgaagtagt tattgagaaa gtcgtccctt tccccttttc tataaccaa tagacaggaa 2451
tggaagattc tcctcggggc ctgaaagctt gcgggatgaa taactcctcc tcctcaggcc 2511
cagtcccaag gtacaaactt gcaccagcag caagatagca gaggcaggaa gagagctggc 2571
tggaagacac gtaccccctg aagatcaaga gggaggtcgc cctggtacta catagcagtc 2631
acgttaggct gggacaattc ctgtttacag aggactataa aaccctgcc ccatactcac 2691
ttggggctga tgccatttta ggcctcagcc tgtctgcatg caggcgctca ttaaaacagc 2751
atgttgctcc 2761

<210> 66
<211> 160
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 66
Met Ala Cys Ile Tyr Pro Thr Thr Phe Tyr Thr Ser Leu Pro Thr Lys
1 5 10 15

Ser Leu Asn Met Gly Ile Ser Leu Thr Thr Ile Leu Ile Leu Ser Val
20 25 30

Ala Val Leu Leu Ser Thr Ala Ala Pro Pro Ser Cys Arg Glu Cys Tyr
35 40 45

Gln Ser Leu His Tyr Arg Gly Glu Met Gln Gln Tyr Phe Thr Tyr His
50 55 60

Thr His Ile Glu Arg Ser Cys Tyr Gly Asn Leu Ile Glu Glu Cys Val
65 70 75 80

Ile Ser Gly Lys Ser Tyr Tyr Lys Val Lys Asn Leu Gly Val Cys Gly
85 90 95

Ser Arg Asn Gly Ala Ile Cys Pro Arg Gly Lys Gln Trp Leu Cys Phe
100 105 110

Thr Lys Ile Gly Gln Trp Gly Val Asn Thr Gln Val Leu Glu Asp Ile
115 120 125

Lys Arg Glu Gln Ile Ile Ala Lys Ala Lys Ala Ser Lys Pro Thr Thr
130 135 140

Pro Pro Glu Asn Arg Pro Arg His Phe His Ser Phe Ile Gln Lys Leu
145 150 155 160

<210> 67

05.10.04

XPs.ST25.txt

<211> 3338
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (2957)..(3325)
 <223>

<400> 67
 gtaggaagta tatgggtagg gtcagataat atttctgaaa ggaaacaccc aggagtatcc 60
 caagttaatg acattttaga ccctccaaca accacacaag tcagctcctt ggaaagactc 120
 tggttacttt tacaaagcaa accaggagaa ttttcataat acctgataac tatgtaagac 180
 ttggaatatt tgaatttcta ggacatggga ttgtgcaacc attcatttta tcccataata 240
 ttgaaatctc cctcagataa gcctctcggc acctaataga gttttcttag tgaagggcta 300
 cctttctgtg ggtaacaggg aagggcaaaa taaacaacca aataatatca taatcacgag 360
 ttgtcaatgat tgctggaaca ggtggggggtt ggtcattaaa ttctagttgt ttccactatt 420
 ctgtaggag ttgtgtgaat gttagcaaaa gaccaggggtg ttacgatctg actgtgtttc 480
 atcaattgcc ttgacttttg gatgaaatgc gatttgagga catatcatta ttagatttgc 540
 cacagattcc aatttttttc tctaatatga ggctaaccat gatgtccttt cccaggaagg 600
 acaatctctc ctttatcagg gaaaaatcag taggggcttc ctcaattttc tccttcattcc 660
 ccaccacaga gtcataagagg tcaagtcctt ttcttgtgaa acctaaaaaa tgcaaattcc 720
 aaggttgctg ctatggtgta ctaattttgt cacagtgaca tgccctgtca cagggcgat 780
 gtgttctgtt atacagttga aatattggtt atactattga aatgtttttg tactattgaa 840
 atcccaaata aacttaattc taaaagaagc atgacctcaa cagcctcaca cctacttata 900
 tcttgtagtt ctttctgtct aatgctggca atctaagcat gttccaggca agcaacattc 960
 aatagcgttt tactgctcca ataagttggt tcaattagca atgtcaaagg cagtcactaa 1020
 atagatagtg tataaccttc atacaatctc gtattatttt ccactaatta ctatagaaaa 1080
 ctgatgaag ttctattaca atggaataac ttcaatcaca cttcaaaaac tacatacggg 1140
 agatagccac aacttgctgc tctcaaaaaa cacagagatg gcatctttac tttgtttcaa 1200
 atccccaacc ctggtggcgg tccaaagtta tggcagttat aacccttat gtcattataa 1260
 ggaggaaggg taaatattaa gtcaacatcc tttaaagcta agagtatgac tacagtgggg 1320
 tggaaatttg gacttcatgc cactccctg tttctgttct attttacctt tcctgacctc 1380
 taagccaaca ggagaggggg aagggccaca cttttgtgac cttgtttaa gaattgtgag 1440
 tttaggaaac aaagatggac ttctgagggg gtagttgagg atgggctgaa ggcacagaag 1500
 aaaccagctg gtgtgcccct ctccccacta gcagaccctt cttcctcatt ggttcagggc 1560
 aaacaatccc ccaaaaattc aagaaaacta acttagagtt attttctgtt atttctcttt 1620
 tccttgatct ggagccaatg cagaaagaaa tctaaagggtg aaggaaaggc agcgttcagc 1680
 actgagcaag tccatgttgg agaaagttca caggaattg gaaatccttg tcttcgtggt 1740

05.10.04

XPs.ST25.txt

tcctggctca gcaggacccc tgtggggcct ctccctctct tgggaaagag attgctctag	1800
aaggtttact acaccagtga ggagaagatg agcgcaaggg ggattggccg gctgagggcg	1860
aaatcaagac tggagccaag tgcgctgagc tctcacatga ggtcctttgc tcctgttccc	1920
tggaggcata agtggctggg gtagagagaa gcaggggtat ttcttctgtc ttttcttgc	1980
tagggattgg ggggtgaaat ctccccgcac ctaaggaaat ttgaaaagac aaactatggc	2040
tgcttcttca agcaaaccac ctccaccacac tatccagggg ataaaaccg cttgctgctg	2100
ctaaattatg ccaagagaga acattctgat atttctcctc aattctaggc atgacagcgt	2160
gacttggtgc ttaaaggcat ggagttttga gttgcagacc taggtttgag tgctgaatct	2220
actagcttca ggggtgttaa aaagtttctt aatctctcta aaccttattt ttctcaaaga	2280
taaaaaactg ggtgtagtgg tgagtatagt gaatgcacat agtatgtgcc ttgtggcatgt	2340
taattcacta ttattctgga cataatttct cctaagaaaa aggatgaact aattgcaggg	2400
cctagcctaa gctctgagaa gtcattcgtt atagcatttc agtccatagt aaacaagaag	2460
aatgaggta aagagtttaa accaggggag gcatagctgt ggtcaccaaa caacctgtta	2520
aaggcgagct gtaggcacca aaaaacctat tatggactga attgtgttcc tcaaattcat	2580
atgttgaagt gctaacccca agtaccaaat gtgactgtat ttggggatag ggtccctgaa	2640
gaagtcactc agctggaagg agtcatattg gattaggtgt tgggaattgg ctggccaagg	2700
gagaaatcaa ggctggaacc aagtgtgaa ctctcacatc aggtcctttg ctctgttcc	2760
ctggacccta atccaatatg actggcatct ttatatgaag aggaagaggc accagagggt	2820
acacacgcag agaaaaggcc atgtgtggac acagtaagat gacggacatc tgtaagccaa	2880
ggaggggaaac ctgagaagaa accagccttg cctgcacctt gatcttggag gtccagtctc	2940
cagaactgtg aaaaaa atg aac tgg tgt tgt tta aat ccc cca gtc gtg gta	2992
Met Asn Trp Cys Cys Leu Asn Pro Pro Val Val Val	
1 5 10	
ttt tgt cat ggt ggc cct aga aga caa tat aca acc caa agg aat att	3040
Phe Cys His Gly Gly Pro Arg Arg Gln Tyr Thr Thr Gln Arg Asn Ile	
15 20 25	
ttt tcc act ttc tcc ctc ttc cac ttt ata gtt ttt tct cct tcg ttt	3088
Leu Ser Thr Phe Ser Leu Phe His Phe Ile Val Phe Ser Pro Ser Phe	
30 35 40	
ctt tct ttt tct ctt tta ctt tcc ttt tct tct ctt ctc ttt cct ctg	3136
Leu Ser Phe Ser Leu Leu Leu Ser Phe Ser Ser Leu Leu Phe Pro Leu	
45 50 55 60	
gtt ttt aat ttt aat ttt aat ttt tgg cct tcc tat acc tcc att tgc	3184
Val Phe Asn Phe Asn Phe Asn Phe Trp Pro Ser Tyr Thr Ser Ile Cys	
65 70 75	
ctc tcc agg aag ctg aat tcc aga caa tta atc att cat ctc atc agt	3232
Leu Ser Arg Lys Leu Asn Ser Arg Gln Leu Ile Ile His Leu Ile Ser	
80 85 90	
tca gca aag caa atg ccc tca atg gtt tct ttt gtg att cga tta tta	3280
Ser Ala Lys Gln Met Pro Ser Met Val Ser Phe Val Ile Arg Leu Leu	
95 100 105	

05.10.04

XPs.ST25.txt
tgg gat cag aat gta tct tat tcc tct ggg aaa aat gaa aca taa 3325
Trp Asp Gln Asn Val Ser Tyr Ser Ser Gly Lys Asn Glu Thr
110 115 120

aaatttcaga aat 3338

<210> 68
<211> 122
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 68

Met Asn Trp Cys Cys Leu Asn Pro Pro Val Val Val Phe Cys His Gly
1 5 10 15

Gly Pro Arg Arg Gln Tyr Thr Thr Gln Arg Asn Ile Leu Ser Thr Phe
20 25 30

Ser Leu Phe His Phe Ile Val Phe Ser Pro Ser Phe Leu Ser Phe Ser
35 40 45

Leu Leu Leu Ser Phe Ser Ser Leu Leu Phe Pro Leu Val Phe Asn Phe
50 55 60

Asn Phe Asn Phe Trp Pro Ser Tyr Thr Ser Ile Cys Leu Ser Arg Lys
65 70 75 80

Leu Asn Ser Arg Gln Leu Ile Ile His Leu Ile Ser Ser Ala Lys Gln
85 90 95

Met Pro Ser Met Val Ser Phe Val Ile Arg Leu Leu Trp Asp Gln Asn
100 105 110

Val Ser Tyr Ser Ser Gly Lys Asn Glu Thr
115 120

<210> 69
<211> 1119
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (641)..(934)
<223>

<400> 69
tcacctcct ggccaattgt gttgcacctt gggcactgaa tcacatgagc cgtcgactaa 60
gccagatgct tctcatgttc ctactggcaa cctgccttct ggccatcata tttgtgcctc 120
aagaaatgca gaccctgcgt gtggttttgg caaccctggg tgtgggagct gcttctcttg 180
gcattacctg ttctactgcc caagaaaatg aactaattcc ttccataatc aggtacaaaa 240
gtttatgtgt gctctgtcat tctcaaaatg gacctgtctc aaccaattga cacttaacaa 300
gggaaaaaaa tccaagacaa gttagttaaa aaacaatcaa atgtaatagt cataaaaaaca 360

05.10.04

XPs.ST25.txt

```

acaaattaca gcccaagttt atatcaagct gactttgttc cagacgctgc attaagtctt 420
ttaatgcagt atcccatgta ccttctgaac cacctgaaag gttgatgtta aggaaaatag 480
cattttgtaa atgataaaaa tgtgtctaatt tcacttgtga atctaaaata aattgctagc 540
aaataagaga aaattttcaaa agcaagagta tgttatcacc tccatgtggt taagtgtctca 600
tccataatca cagcaaaatg ataaatcaca aattatatgt atg att ttt aac aac 655
                               Met Ile Phe Asn Asn
                               1      5

ttt tcc tct gtt gct gtt ttt act cca agg gga aga gct act gga atc 703
Phe Ser Ser Val Ala Val Phe Thr Pro Arg Gly Arg Ala Thr Gly Ile
                               10      15      20

act gga aac ttt gct aat att ggg gga gcc ctg gct tcc ctc atg atg 751
Thr Gly Asn Phe Ala Asn Ile Gly Gly Ala Leu Ala Ser Leu Met Met
                               25      30      35

atc cta agc ata tat tct cga ccc ctg ccc tgg atc atc tat gga gtc 799
Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Arg Pro Leu Pro Trp Ile Ile Tyr Gly Val
                               40      45      50

ttt gcc atc ctc tct ggc ctt gtt gtc ctc ctc ctt cct gaa acc agg 847
Phe Ala Ile Leu Ser Gly Leu Val Val Leu Leu Leu Pro Glu Thr Arg
                               55      60      65

aac cag cct ctt ctt gac agc atc cag gat gtg gaa aat gag gga gta 895
Asn Gln Pro Leu Leu Asp Ser Ile Gln Asp Val Glu Asn Glu Gly Val
                               70      75      80      85

aat agc cta gct gcc cct cag agg agc tct gtg cta tag gtctgtgctg 944
Asn Ser Leu Ala Ala Pro Gln Arg Ser Ser Val Leu
                               90      95

aggaaagcaa aacaccattt agggctacca tcccccaaaa aggcttagat ctgggctatt 1004
cccatgtagt cagtgccttt gcctttggtg taccctcatc ccttccacag tgacctcata 1064
catcccctga gcctcactag atcacacaga ccatctctgc ccagcctgtc cagga 1119

```

```

<210> 70
<211> 97
<212> PRT
<213> Homo sapiens

```

<400> 70

```

Met Ile Phe Asn Asn Phe Ser Ser Val Ala Val Phe Thr Pro Arg Gly
1      5      10      15

Arg Ala Thr Gly Ile Thr Gly Asn Phe Ala Asn Ile Gly Gly Ala Leu
20      25      30

Ala Ser Leu Met Met Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Arg Pro Leu Pro Trp
35      40      45

Ile Ile Tyr Gly Val Phe Ala Ile Leu Ser Gly Leu Val Val Leu Leu
50      55      60

```

```

Leu Pro Glu Thr Arg Asn Gln Pro Leu Leu Asp Ser Ile Gln Asp Val
Seite 88

```

05.10.04

XPs.ST25.txt
75

65

70

80

Glu Asn Glu Gly Val Asn Ser Leu Ala Ala Pro Gln Arg Ser Ser Val
85 90 95

Leu

<210> 71
<211> 1309
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (113)..(1309)
<223>

<400> 71
gtgtccaaga cacacagagc catggaatct cacaggtatc tcagaattcc tcctcctggg 60
ctctcagag gatccagaac tgcagcccgt cctccctggg ctgtccctgt cc atg tac 118
Met Tyr
1
ctg gtc acg gtg ctg agg aac ctg ctc atc atc ctg gct gtc agc tct 166
Leu Val Thr Val Leu Arg Asn Leu Leu Ile Ile Leu Ala Val Ser Ser
5 10 15
gac tcc cac ctc cac acc ccc atg tgc ttc ttc ctc tcc aac ctg tgc 214
Asp Ser His Leu His Thr Pro Met Cys Phe Phe Leu Ser Asn Leu Cys
20 25 30
tgg gct gac atc ggt ttc acc tcg gcc atg gtt ccc aag atg att gtg 262
Trp Ala Asp Ile Gly Phe Thr Ser Ala Met Val Pro Lys Met Ile Val
35 40 45 50
gac atg cag tcg cat agc aga gtc atc tct tat gcg ggc tgc ctg aca 310
Asp Met Gln Ser His Ser Arg Val Ile Ser Tyr Ala Gly Cys Leu Thr
55 60 65
cag atg tct ttc ttt gtc ctt ttt gca tgt ata gaa gac atg ctc ctg 358
Gln Met Ser Phe Phe Val Leu Phe Ala Cys Ile Glu Asp Met Leu Leu
70 75 80
aca gtg atg gcc tat gac cga ttt gtg gcc atc tgt cac ccc ctg cac 406
Thr Val Met Ala Tyr Asp Arg Phe Val Ala Ile Cys His Pro Leu His
85 90 95
tac cca gtc atc atg aat cct cac ctt ggt gtc ttc tta gtt ttg gtg 454
Tyr Pro Val Ile Met Asn Pro His Leu Gly Val Phe Leu Val Leu Val
100 105 110
tcc ttt ttc ctc agc ctg ttg gat tcc cag ctg cac agt tgg att gtg 502
Ser Phe Phe Leu Ser Leu Leu Asp Ser Gln Leu His Ser Trp Ile Val
115 120 125 130
tta caa ttc acc ttc ttc aag aat gtg gaa atc tcc aat ttt gtc tgt 550
Leu Gln Phe Thr Phe Phe Lys Asn Val Glu Ile Ser Asn Phe Val Cys
135 140 145
gac cca tct caa ctt ctc aac ctt gcc tgt tct gac agt gtc atc aat 598
Asp Pro Ser Gln Leu Leu Asn Leu Ala Cys Ser Asp Ser Val Ile Asn
150 155 160

05.10.04

XPs.ST25.txt

agc	ata	ttc	ata	tat	tta	gat	agt	att	atg	ttt	ggg	ttt	ctt	ccc	att	646
Ser	Ile	Phe	Ile	Tyr	Leu	Asp	Ser	Ile	Met	Phe	Gly	Phe	Leu	Pro	Ile	
		165					170					175				
tca	ggg	atc	ctt	ttg	tct	tac	gct	aac	aat	gtc	ccc	tcc	att	cta	aga	694
Ser	Gly	Ile	Leu	Leu	Ser	Tyr	Ala	Asn	Asn	Val	Pro	Ser	Ile	Leu	Arg	
	180					185					190					
att	tca	tca	tca	gat	agg	aag	tct	aaa	gcc	ttc	tcc	acc	tgt	ggc	tct	742
Ile	Ser	Ser	Ser	Asp	Arg	Lys	Ser	Lys	Ala	Phe	Ser	Thr	Cys	Gly	Ser	
195					200				205					210		
cac	ctg	gca	gtt	gtt	tgc	tta	ttt	tat	gga	aca	ggc	att	ggc	gtg	tac	790
His	Leu	Ala	Val	Val	Cys	Leu	Phe	Tyr	Gly	Thr	Gly	Ile	Gly	Val	Tyr	
				215					220					225		
ctg	act	tca	gct	gtg	tca	cca	ccc	ccc	agg	aat	ggg	gtg	gtg	gca	tca	838
Leu	Thr	Ser	Ala	Val	Ser	Pro	Pro	Pro	Arg	Asn	Gly	Val	Val	Ala	Ser	
			230					235					240			
gtg	atg	tac	gct	gtg	gtc	acc	ccc	atg	ctg	aac	cct	ttc	atc	tac	agc	886
Val	Met	Tyr	Ala	Val	Val	Thr	Pro	Met	Leu	Asn	Pro	Phe	Ile	Tyr	Ser	
		245					250					255				
ctg	aga	aat	agg	gac	att	caa	agt	gcc	ctg	tgg	agg	ctg	cgc	agc	aga	934
Leu	Arg	Asn	Arg	Asp	Ile	Gln	Ser	Ala	Leu	Trp	Arg	Leu	Arg	Ser	Arg	
	260					265					270					
aca	gtc	gaa	tct	cat	gat	ctg	tta	tct	caa	gat	ctg	ctc	cat	cct	ttt	982
Thr	Val	Glu	Ser	His	Asp	Leu	Leu	Ser	Gln	Asp	Leu	Leu	His	Pro	Phe	
275					280				285						290	
tct	tgt	gtg	gat	ttg	caa	cat	gtt	ctg	ttt	tct	cct	acg	gat	ata	aga	1030
Ser	Cys	Val	Asp	Leu	Gln	His	Val	Leu	Phe	Ser	Pro	Thr	Asp	Ile	Arg	
				295					300					305		
gag	aaa	cac	tac	gaa	gca	tca	gtc	cag	aga	acc	cct	gta	tca	gac	cag	1078
Glu	Lys	His	Tyr	Glu	Ala	Ser	Val	Gln	Arg	Thr	Pro	Val	Ser	Asp	Gln	
			310					315					320			
agg	aag	gaa	gtt	gta	ttc	aga	aac	atg	aat	tct	gga	atc	tcg	caa	gtc	1126
Arg	Lys	Glu	Val	Val	Phe	Arg	Asn	Met	Asn	Ser	Gly	Ile	Ser	Gln	Val	
		325					330					335				
ttc	cag	agg	gaa	ctc	agc	tgc	ccc	atc	tgc	atg	aac	tac	ttc	ata	gac	1174
Phe	Gln	Arg	Glu	Leu	Ser	Cys	Pro	Ile	Cys	Met	Asn	Tyr	Phe	Ile	Asp	
	340					345					350					
cca	gtc	acc	ata	gac	tgt	ggg	cac	agc	ttt	tgc	agg	ccc	tgt	ttc	tac	1222
Pro	Val	Thr	Ile	Asp	Cys	Gly	His	Ser	Phe	Cys	Arg	Pro	Cys	Phe	Tyr	
355					360					365					370	
ctc	aac	tgg	caa	gac	atc	cca	gtt	gtt	act	cag	tgc	ttt	gaa	tgc	ata	1270
Leu	Asn	Trp	Gln	Asp	Ile	Pro	Val	Val	Thr	Gln	Cys	Phe	Glu	Cys	Ile	
				375					380					385		
aag	aca	aca	cag	cag	aga	aac	ctc	aaa	act	aac	att	tga				1309
Lys	Thr	Thr	Gln	Gln	Arg	Asn	Leu	Lys	Thr	Asn	Ile					
			390					395								

<210> 72
 <211> 398
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 72

08.10.04

XP_S.ST25.txt

Met Tyr Leu Val Thr Val Leu Arg Asn Leu Leu Ile Ile Leu Ala Val
1 5 10 15

Ser Ser Asp Ser His Leu His Thr Pro Met Cys Phe Phe Leu Ser Asn
20 25 30

Leu Cys Trp Ala Asp Ile Gly Phe Thr Ser Ala Met Val Pro Lys Met
35 40 45

Ile Val Asp Met Gln Ser His Ser Arg Val Ile Ser Tyr Ala Gly Cys
50 55 60

Leu Thr Gln Met Ser Phe Phe Val Leu Phe Ala Cys Ile Glu Asp Met
65 70 75 80

Leu Leu Thr Val Met Ala Tyr Asp Arg Phe Val Ala Ile Cys His Pro
85 90 95

Leu His Tyr Pro Val Ile Met Asn Pro His Leu Gly Val Phe Leu Val
100 105 110

Leu Val Ser Phe Phe Leu Ser Leu Leu Asp Ser Gln Leu His Ser Trp
115 120 125

Ile Val Leu Gln Phe Thr Phe Phe Lys Asn Val Glu Ile Ser Asn Phe
130 135 140

Val Cys Asp Pro Ser Gln Leu Leu Asn Leu Ala Cys Ser Asp Ser Val
145 150 155 160

Ile Asn Ser Ile Phe Ile Tyr Leu Asp Ser Ile Met Phe Gly Phe Leu
165 170 175

Pro Ile Ser Gly Ile Leu Leu Ser Tyr Ala Asn Asn Val Pro Ser Ile
180 185 190

Leu Arg Ile Ser Ser Ser Asp Arg Lys Ser Lys Ala Phe Ser Thr Cys
195 200 205

Gly Ser His Leu Ala Val Val Cys Leu Phe Tyr Gly Thr Gly Ile Gly
210 215 220

Val Tyr Leu Thr Ser Ala Val Ser Pro Pro Pro Arg Asn Gly Val Val
225 230 235 240

Ala Ser Val Met Tyr Ala Val Val Thr Pro Met Leu Asn Pro Phe Ile
245 250 255

Tyr Ser Leu Arg Asn Arg Asp Ile Gln Ser Ala Leu Trp Arg Leu Arg
260 265 270

05.10.04

XPs.ST25.txt

Ser Arg Thr Val Glu Ser His Asp Leu Leu Ser Gln Asp Leu Leu His
275 280 285

Pro Phe Ser Cys Val Asp Leu Gln His Val Leu Phe Ser Pro Thr Asp
290 295 300

Ile Arg Glu Lys His Tyr Glu Ala Ser Val Gln Arg Thr Pro Val Ser
305 310 315 320

Asp Gln Arg Lys Glu Val Val Phe Arg Asn Met Asn Ser Gly Ile Ser
325 330 335

Gln Val Phe Gln Arg Glu Leu Ser Cys Pro Ile Cys Met Asn Tyr Phe
340 345 350

Ile Asp Pro Val Thr Ile Asp Cys Gly His Ser Phe Cys Arg Pro Cys
355 360 365

Ile Tyr Leu Asn Trp Gln Asp Ile Pro Val Val Thr Gln Cys Phe Glu
370 375 380

Cys Ile Lys Thr Thr Gln Gln Arg Asn Leu Lys Thr Asn Ile
385 390 395

<210> 73
<211> 961
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (258)..(845)
<223>

<400> 73
caataatgaa ggtggctgcg gcgcggcggc aggctcagct gcgccgggcg ggggcggcgc 60
ggggccgcg cctgtaggac tcggggccga cgccgcggga tggggacgcg gcgcggggag 120
gaggcagtg gcggcgggcg cggtaaagcg aattcggcc cgaggggctc gcccgtcccc 180
gcctctgtct tgtcggcctc cacctgcagc cccgcggccc ccgcgccccg cgggaccccg 240
acggcgacga cggggga atg tgg cgc tgg atc cgg cag cag ctg ggt ttt 290
Met Trp Arg Trp Ile Arg Gln Gln Leu Gly Phe
1 5 10
gac cca cca cat cag agt gac aca aga acc atc tac gta gcc aac agg 338
Asp Pro Pro His Gln Ser Asp Thr Arg Thr Ile Tyr Val Ala Asn Arg
15 20 25
ttt cct cag aat ggc ctt tac aca cct cag aaa ttt ata gat aac agg 386
Phe Pro Gln Asn Gly Leu Tyr Thr Pro Gln Lys Phe Ile Asp Asn Arg
30 35 40
atc att tca tct aag tac act gtg tgg aat ttt gtt cca aaa aat tta 434
Ile Ile Ser Ser Lys Tyr Thr Val Trp Asn Phe Val Pro Lys Asn Leu
45 50 55
ttt gaa cag ttc aga aga gtg gca aac ttt tat ttt ctt att ata ttt 482
seite 92

05.10.04

XPs.ST25.txt

Phe	Glu	Gln	Phe	Arg	Arg	Val	Ala	Asn	Phe	Tyr	Phe	Leu	Ile	Ile	Phe	
60					65				70						75	
ttg	gtt	cag	ctt	atg	att	gat	aca	cct	acc	agt	cca	gtt	acc	agt	gga	530
Leu	Val	Gln	Leu	Met	Ile	Asp	Thr	Pro	Thr	Ser	Pro	Val	Thr	Ser	Gly	
				80				85						90		
ctt	cca	tta	ttc	ttt	gtg	ata	aca	gta	act	gcc	ata	aag	cag	gga	tat	578
Leu	Pro	Leu	Phe	Phe	Val	Ile	Thr	Val	Thr	Ala	Ile	Lys	Gln	Gly	Tyr	
			95					100					105			
gaa	gat	tgg	tta	cgg	cat	aac	tca	gat	aat	gaa	gta	aat	gga	gct	cct	626
Glu	Asp	Trp	Leu	Arg	His	Asn	Ser	Asp	Asn	Glu	Val	Asn	Gly	Ala	Pro	
		110					115					120				
gtt	tat	gtt	gtt	cga	agt	ggg	ggc	ctt	gta	aaa	act	aga	tca	aaa	aac	674
Val	Tyr	Val	Val	Arg	Ser	Gly	Gly	Leu	Val	Lys	Thr	Arg	Ser	Lys	Asn	
	125					130					135					
att	cgg	gtg	ggg	gat	att	gtt	cga	ata	gcc	aaa	gat	gaa	att	ttt	cct	722
Ile	Arg	Val	Gly	Asp	Ile	Val	Arg	Ile	Ala	Lys	Asp	Glu	Ile	Phe	Pro	
					145					150					155	
tca	gac	ttg	gtg	ctt	ctg	tcc	tca	gat	cga	ctg	gat	ggg	tcc	tgt	cac	770
Ala	Asp	Leu	Val	Leu	Leu	Ser	Ser	Asp	Arg	Leu	Asp	Gly	Ser	Cys	His	
				160					165					170		
gtt	aca	act	gct	agt	ttg	gac	gga	gaa	act	aac	ctg	aag	gtt	tgc	ttg	818
Val	Thr	Thr	Ala	Ser	Leu	Asp	Gly	Glu	Thr	Asn	Leu	Lys	Val	Cys	Leu	
			175				180						185			
cat	atg	ttt	gag	tat	tgc	tct	tgg	tga	acaaagtgtc	tttggattat						865
His	Met	Phe	Glu	Tyr	Cys	Ser	Trp									
		190					195									
aattatactt	aactttgggt	aaagtagtaa	agtttgacca	gattaagggg	aagtttttaa											925
aattactatt	tcaaaaataa	aaaggtttta	agaaag													961

<210> 74
 <211> 195
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 74

Met	Trp	Arg	Trp	Ile	Arg	Gln	Gln	Leu	Gly	Phe	Asp	Pro	Pro	His	Gln	
				5					10					15		
Ser	Asp	Thr	Arg	Thr	Ile	Tyr	Val	Ala	Asn	Arg	Phe	Pro	Gln	Asn	Gly	
			20					25					30			
Leu	Tyr	Thr	Pro	Gln	Lys	Phe	Ile	Asp	Asn	Arg	Ile	Ile	Ser	Ser	Lys	
		35					40					45				
Tyr	Thr	Val	Trp	Asn	Phe	Val	Pro	Lys	Asn	Leu	Phe	Glu	Gln	Phe	Arg	
		50				55					60					
Arg	Val	Ala	Asn	Phe	Tyr	Phe	Leu	Ile	Ile	Phe	Leu	Val	Gln	Leu	Met	
					70					75				80		
Ile	Asp	Thr	Pro	Thr	Ser	Pro	Val	Thr	Ser	Gly	Leu	Pro	Leu	Phe	Phe	

08.10.04

85

XP_S.ST25.txt
90

95

Val Ile Thr Val Thr Ala Ile Lys Gln Gly Tyr Glu Asp Trp Leu Arg
100 105 110

His Asn Ser Asp Asn Glu Val Asn Gly Ala Pro Val Tyr Val Val Arg
115 120 125

Ser Gly Gly Leu Val Lys Thr Arg Ser Lys Asn Ile Arg Val Gly Asp
130 135 140

Ile Val Arg Ile Ala Lys Asp Glu Ile Phe Pro Ala Asp Leu Val Leu
145 150 155 160

Leu Ser Ser Asp Arg Leu Asp Gly Ser Cys His Val Thr Thr Ala Ser
165 170 175

Leu Asp Gly Glu Thr Asn Leu Lys Val Cys Leu His Met Phe Glu Tyr
180 185 190

Cys Ser Trp
195

<210> 75
<211> 2837
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (814)..(1122)
<223>

<400> 75
atatcacctc ctaggaaata tgcagtaaga tggatttgtgt gtctaaaggt taaactcttt 60
ttccaacaga tggatctagg ccgtatggag gattcactgc ttctcatacc tccagtgaag 120
gcagataa agtgggatgt tgtaaagtta cttcatttta atcaggaaga agctgctatg 180
gtgaatttaa aacttgtaat gccattagat gagcttctag cacagtttca gtcattgttac 240
catgaggatt ggtgtgacct gttccatatt ccgtgggtcca ttatttggtg ctgaaagaga 300
ccatctacct cctagaagtg tgtgggtgggt ctcttccaaa tactcctgaa ggaaacttta 360
cttctcctgg ctatgatgga gtcaggaatt actcgagaaa cctaaactgt gaatggactc 420
tcagcaatcc aaatcaggga aattcatcta tttatattca ttttgaagat ttttacctag 480
aaagtcacca agactgtcaa tttgatgtcc ttgagtttcg agtgggtttg ttaagagcct 540
ggtaagaagt gcaagattga caaaggtaag gtagtagcg gaggttaagt aaagcttgaa 600
tataggaaac cttggaccac ttgccattgc agtggataaa attttcaaga tttcgttgaa 660
tttgaaagtc aaagattcca ttttaaagcc attgactacc attgtccagt cgctattggg 720
gccaggccat gttacaaagg atattgaacg tttgggctta atgtgagggc ttgtgacct 780

05.10.04

XP5.ST25.txt

gagtcctggag gttgcaaggg agacagccaa gtc	atg tgt cat ggg gaa acc ttc	834
	Met Cys His Gly Glu Thr Phe	
	1 5	
ttc agg tgg att ttg agg ctt cac tgc aat act agc ttc ctg ttg ctg		882
Phe Arg Trp Ile Leu Arg Leu His Cys Asn Thr Ser Phe Leu Leu Leu		
	10 15 20	
ctg caa caa att att att att att att att att att att att att att att		930
Leu Gln Gln Ile Ile Ile Ile Ile Ile Ile Ile Ile Ile Ile Ile Ile Ile		
	25 30 35	
ttc aga tgg agt ctc gct ctg tca ctc agg ctg gag tgc agt ggt gcg		978
Phe Arg Trp Ser Leu Ala Leu Ser Leu Arg Leu Glu Cys Ser Gly Ala		
	40 45 50 55	
atc tca gct cgt tgc aag ctc cgc ctt gtc ggt tca tgc cat tct cgt		1026
Ile Ser Ala Arg Cys Lys Leu Arg Leu Val Gly Ser Cys His Ser Arg		
	60 65 70	
gcc tca gcc tcc caa gta gct ggg act aca gga acc cgc cac cac acc		1074
Ala Ser Ala Ser Gln Val Ala Gly Thr Thr Gly Thr Arg His His Thr		
	75 80 85	
gg cta atg ttt cgt att ttt agt aga ggt ggg gtt tca tcg tgt tag		1122
Trp Leu Met Phe Arg Ile Phe Ser Arg Gly Gly Val Ser Ser Cys		
	90 95 100	
ccaggatggt ctcggtctcc tgacctagt attcacctgt cttggcctcc caaagttctg		1182
ggattacagg cgtgagccac acacttagtg tctttaaaca acatatatgt attctctcac		1242
agttctggag gccagaattc taaattccct cccactgagt caagggtggga gcagggcaag		1302
tgcccttcgga ggctctgtgg gagaatccat ttcctggctc tggaggcagc ctgcactcct		1362
cgacttttga tgccctcctt gaatgactcc aattttctcgc ttccatcact acacctccca		1422
ccactctccc atcacctgct ctgctcttac aaggatcagt gagtacatca acttgccacc		1482
taaagaagcc gggataatct tccctgccaa aggtccttaa cttcattaca tctgcaaagc		1542
ttcttttacc atataaggtg caccgggtac ttcttgagca ttgggatgat ctgcttcacc		1602
tccagtcaca cagcttccag gactgggag tggctcctct gcaggatggt cagcttcgac		1662
ggccagag aaatggaatg gttgcatcac ttatctacgt aaacaattga agaattgtct		1722
gaaagaaaag cagaaggaac atctgaagga acacctgatg aggctgcacc cttggcgga		1782
agaacacctg acatggctga aagcttggtg gaaaaaccac ctgatgaggc tgcacccttg		1842
gtggagggaa cagctgacaa aattcaatgt ttggggaaag caacatctgg aaagtttgaa		1902
cagtcagcag aagaaacacc taagaaaatt atgaggactg caaaagaaac atctaagaaa		1962
tttgcattggc cagcaaaaaga aagacctagg aagatcacat gggaggaaaa ataaacatct		2022
gtaaagactg aatgcgtggc aggagtaata cctaataaaa ctgaagtttt ggaaaaagga		2082
acatctaaga tgctcacgtg tctacaaaa gaaacatcta caaaagcaag tacaatgtg		2142
gatgtgagtt ctgtagagtc tatattcaga gtctcaccct gtcacccagg ctggaatgca		2202
atggcacgat ctcggctcac tgcaacctcc acctcccaga aggaagcaac aaagacagca		2262
actgaacaac aagaaaatga tattggaatt attgaatgag cgccataaga tctaacaat		2322

05.10.04

XPs.ST25.txt

```
aagatgccca catcagagtc aggacaaaaa gaagatacga aatcaccttc agtttctgag 2382
gtcacagcta tggatgtgga agagatagga aaggcctcac cacttaagat agaagcagca 2442
gctgcatagt ggtaacagca atgagtggat gtcaaaagac agattcaact agcctatcaa 2502
tattcttggg tgcagttcct tctcatgaaa gagcaaggga acttaaaaaa tatcactgtg 2562
aacaacttac agcaaaaaata aaacaaatga aaaataagtt ttgggtacta caaaagggaac 2622
tatcagaagc aaaaaataaaa ttgcagtaag tgaatcaaaa ggttaaattg gaacaagagc 2682
tctgcagtgt gagcttggaa tgaagttgat aatagtgaga ccttgttggt acaagactat 2742
gtaacacaac ctgcacttct caacaaaaaa ttgcttttct gacttctgca ctcagtaggt 2802
atctttggaa aataatctcc tattggtact gaggc 2837
```

<210> 76
<211> 102
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 76

Met Cys His Gly Glu Thr Phe Phe Arg Trp Ile Leu Arg Leu His Cys
1 5 10 15

Asn Thr Ser Phe Leu Leu Leu Leu Gln Gln Ile Ile Ile Ile Ile Ile
20 25 30

Ile Ile Ile Ile Ile Ile Ile Phe Arg Trp Ser Leu Ala Leu Ser Leu
35 40 45

Arg Leu Glu Cys Ser Gly Ala Ile Ser Ala Arg Cys Lys Leu Arg Leu
50 55 60

Val Gly Ser Cys His Ser Arg Ala Ser Ala Ser Gln Val Ala Gly Thr
65 70 75 80

Gly Thr Arg His His Thr Trp Leu Met Phe Arg Ile Phe Ser Arg
85 90 95

Gly Gly Val Ser Ser Cys
100

<210> 77
<211> 851
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (37)..(834)
<223>

<400> 77

gcttctccca gctggagtag gtgggggagg ccagac atg gag gcc ctt cct cca
Met Glu Ala Leu Pro Pro
1 5

54

05.10.04

XPs.ST25.txt

gtc	aga	tcc	agc	ctt	ttg	ggg	atc	ctg	ttg	cag	gtt	acg	agg	ctc	tca	102
Val	Arg	Ser	Ser	Leu	Leu	Gly	Ile	Leu	Leu	Gln	Val	Thr	Arg	Leu	Ser	
			10					15					20			
gtg	ctg	ttg	gtt	cag	aac	cga	gat	cac	ctc	tat	aat	ttc	ctg	ctc	ctc	150
Val	Leu	Leu	Val	Gln	Asn	Arg	Asp	His	Leu	Tyr	Asn	Phe	Leu	Leu	Leu	
		25					30					35				
aag	atc	aac	ctc	ttc	aac	cac	tgg	gtg	tca	ggg	ctg	gcc	cag	gag	gcc	198
Lys	Ile	Asn	Leu	Phe	Asn	His	Trp	Val	Ser	Gly	Leu	Ala	Gln	Glu	Ala	
	40					45					50					
cgg	ggg	tcc	tgt	aac	tgg	cag	gcc	cac	cta	ccc	ctg	gga	gct	gca	gcc	246
Arg	Gly	Ser	Cys	Asn	Trp	Gln	Ala	His	Leu	Pro	Leu	Gly	Ala	Ala	Ala	
	55				60					65					70	
tgc	ccc	ctg	ggc	cag	gct	ctc	tgg	gct	ggg	ctg	gct	ctg	ata	cag	gtc	294
Cys	Pro	Leu	Gly	Gln	Ala	Leu	Trp	Ala	Gly	Leu	Ala	Leu	Ile	Gln	Val	
				75					80					85		
ccc	gta	tgg	ctg	gtg	cta	cag	gga	ccc	agg	ctg	atg	tgg	gct	ggc	atg	342
Pro	Val	Trp	Leu	Val	Leu	Gln	Gly	Pro	Arg	Leu	Met	Trp	Ala	Gly	Met	
			90					95					100			
tgg	ggc	agc	acc	aag	ggc	ctg	ggc	ctg	gcc	ttg	ctc	agt	gcc	tgg	gag	390
Trp	Gly	Ser	Thr	Lys	Gly	Leu	Gly	Leu	Ala	Leu	Leu	Ser	Ala	Trp	Glu	
		105					110					115				
cag	ctg	ggc	ctg	tct	gtg	gcc	atc	tgg	aca	gat	ctg	ttt	ttg	tca	tgt	438
Gln	Leu	Gly	Leu	Ser	Val	Ala	Ile	Trp	Thr	Asp	Leu	Phe	Leu	Ser	Cys	
	120					125					130					
ctg	cac	ggc	ctg	atg	ttg	gtg	gcc	ttg	ctc	ttg	gtg	gta	gtg	acc	tgg	486
Leu	His	Gly	Leu	Met	Leu	Val	Ala	Leu	Leu	Leu	Val	Val	Val	Thr	Trp	
	135				140					145					150	
agg	gtg	tgt	cag	aag	tcc	cac	tgc	ttc	cga	ctg	ggc	agg	cag	ctc	agt	534
Arg	Val	Cys	Gln	Lys	Ser	His	Cys	Phe	Arg	Leu	Gly	Arg	Gln	Leu	Ser	
				155					160					165		
aag	gcc	ttg	caa	gtg	aac	tgc	gtg	gta	agg	aag	ctc	ctg	gta	cag	ctg	582
Lys	Ala	Leu	Gln	Val	Asn	Cys	Val	Val	Arg	Lys	Leu	Leu	Val	Gln	Leu	
			170					175					180			
gaa	cgt	ctg	tat	tgg	tgg	gtg	gag	act	atg	act	gcc	ctc	acc	tcc	tgg	630
g	Arg	Leu	Tyr	Trp	Trp	Val	Glu	Thr	Met	Thr	Ala	Leu	Thr	Ser	Trp	
		185					190					195				
cac	ctg	ggc	tat	ctc	atc	acc	tgg	acc	acc	tgc	ctg	gcc	tcc	cac	ctg	678
His	Leu	Ala	Tyr	Leu	Ile	Thr	Trp	Thr	Thr	Cys	Leu	Ala	Ser	His	Leu	
	200					205					210					
ctg	cag	gct	ggc	ttt	gag	cac	acg	acc	cag	ctg	gcc	gag	gcc	cag	gag	726
Leu	Gln	Ala	Ala	Phe	Glu	His	Thr	Thr	Gln	Leu	Ala	Glu	Ala	Gln	Glu	
	215				220					225					230	
gtt	gaa	ccc	cag	gag	gtc	tca	ggg	tct	tcc	ttg	ctg	ccc	tca	ctg	tct	774
Val	Glu	Pro	Gln	Glu	Val	Ser	Gly	Ser	Ser	Leu	Leu	Pro	Ser	Leu	Ser	
				235					240					245		
gcg	tcc	tcg	gac	tca	gag	tct	gga	aca	gtt	ttg	cca	gag	caa	gaa	act	822
Ala	Ser	Ser	Asp	Ser	Glu	Ser	Gly	Thr	Val	Leu	Pro	Glu	Gln	Glu	Thr	
			250				255						260			
ccc	aga	gaa	taa	atgtatcccc	atctgcc											851
Pro	Arg	Glu														
		265														

06.10.04

XPs.ST25.txt

<210> 78
<211> 265
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 78

Met Glu Ala Leu Pro Pro Val Arg Ser Ser Leu Leu Gly Ile Leu Leu
1 5 10 15

Gln Val Thr Arg Leu Ser Val Leu Leu Val Gln Asn Arg Asp His Leu
20 25 30

Tyr Asn Phe Leu Leu Leu Lys Ile Asn Leu Phe Asn His Trp Val Ser
35 40 45

Gly Leu Ala Gln Glu Ala Arg Gly Ser Cys Asn Trp Gln Ala His Leu
50 55 60

Pro Leu Gly Ala Ala Ala Cys Pro Leu Gly Gln Ala Leu Trp Ala Gly
65 70 75 80

Leu Ala Leu Ile Gln Val Pro Val Trp Leu Val Leu Gln Gly Pro Arg
85 90 95

Leu Met Trp Ala Gly Met Trp Gly Ser Thr Lys Gly Leu Gly Leu Ala
100 105 110

Leu Leu Ser Ala Trp Glu Gln Leu Gly Leu Ser Val Ala Ile Trp Thr
115 120 125

Asp Leu Phe Leu Ser Cys Leu His Gly Leu Met Leu Val Ala Leu Leu
130 135 140

Leu Val Val Val Thr Trp Arg Val Cys Gln Lys Ser His Cys Phe Arg
150 155 160

Leu Gly Arg Gln Leu Ser Lys Ala Leu Gln Val Asn Cys Val Val Arg
165 170 175

Lys Leu Leu Val Gln Leu Arg Arg Leu Tyr Trp Trp Val Glu Thr Met
180 185 190

Thr Ala Leu Thr Ser Trp His Leu Ala Tyr Leu Ile Thr Trp Thr Thr
195 200 205

Cys Leu Ala Ser His Leu Leu Gln Ala Ala Phe Glu His Thr Thr Gln
210 215 220

Leu Ala Glu Ala Gln Glu Val Glu Pro Gln Glu Val Ser Gly Ser Ser
225 230 235 240

05.10.04

XP.S.T25.txt

Leu Leu Pro Ser Leu Ser Ala Ser Ser Asp Ser Glu Ser Gly Thr Val
245 250 255

Leu Pro Glu Gln Glu Thr Pro Arg Glu
260 265

<210> 79
<211> 5868
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (3269)..(5677)
<223>

<400> 79

```

gatctctccc atgaagtgac caggatagag aagcaccaga accgccaaaa gtatgggctg      60
tgcgtcatct tcctttcctg taccatgatg cccaacttta aagagctgat ccatttcgag      120
tcagcatcg gtcactatgg gaacaagatg gacctgaatt acaagcctct agtctcaagc      180
acaccgtaca gcccagtgat atatgatggg aacatctacc attatgtgcc ctggtacaac      240
accaagcctg tcgtggccgt gacctccaac tgggaggacg tcagcttccg catgaactgc      300
ctcaacctcc tccacttcac tcgggaccgc ctgaaagcca acctggacac cctgaaatcc      360
acgcggaatc cgaaggatcc agctctcctc taccagtggg agaaactgct gagggagctg      420
gcagaggact gcaagcgcgc tctgccctgc atgacctatc agcccaaagc caccagcctg      480
gacaggaaga ggtggcagct ccgcagcctc ctctgcagg aactggccca aaaggccaag      540
caagccaagc ccaaggacat ggtggccaca gcggaggact ggctgtaccg cctcaacacc      600
gtgctccctg agccccagat gggcctccct gacgtgatga tttggctggt ggccaaggag      660
cagcgagtgg cctatgcaca gtaccagag ggtgaaggac agaaggatgt gctcccagct      720
cacctccggg tctgcatgtg gcttggcaat gtcacagaca gcaaggacct gcagctgctc      780
tcagggtg acacagcggg gtacgccgag atggtgagtg tatgagaatc aggccaagta      840
taagaccag tgggggcagc aggggctgta tcaactgccc aacttctcgg atgtcatggg      900
gaacaagacc ctcccatga cggatttcca accaccctg ggatggcact ggcaggacag      960
ctggacagtg gaacctcaga gaaggctcct cctggacata gacatcaaca agagccaggt     1020
gctggaggag gtatatgaga accagggccg tgacaccaga ggggcctggg ggcctgccgc     1080
catcccaaac acagacgtga atggacagcc catggaggcc cgggagaacg tgaagtgcc     1140
ccaaggctgg cactttaaga aggactgggt ggtggagctg aaccacgcag tggacagtaa     1200
gggctgggag tatggagtgg ggatcccacc gtcgggcctg cccaggtct ggagccgggt     1260
ggagaagacc taccactcgt gccgccgccg gcgctgggcg cgtgtgcgct tcaggaacca     1320
tggggagctg agccacgagc aggagaccct ctcttctcctg cagctgggccc tggccaaggg     1380
cgaggaggag ggctgggagt atgacacctt cggctccaag ttccacctca accctcagcc     1440

```


05.10.04

XPs.ST25.txt

ccagagccgg ttccgccgcc gctgctggcg ccgcaggctg gcccccaaca aggacaaggg	1500
catcgcgccc atattcctcc tggaggggtc cttggctatg gatctgaaat accacgctgg	1560
gaaggaagag gacagcaaga catggccatg gggctctggac agacagttca gggacccccca	1620
gaggcaggac acccggtccc ccaacttgcc cttcatctac tgcaccttca ataagccccca	1680
ctactaccag ctcttctgct acatctacca ggcccggaac ctggtgtcca atcagatcct	1740
gacattccaa gggcccttca ttcgggtggg cttcctgaac cacagccagt gcacccaaac	1800
cctgaggagc tctgcaggcc ccacatgggc ccagacactc atcttccagc acctccttct	1860
gtacgagaac ccacaggaca ccaaagagag cccaccgctt gtggtgctgg agctgtggca	1920
gcgtgacttc tggggcaagg agagcttgtg gggacggagc gtgtggcccc caatggtctg	1980
gctggatctc caggaccgga tcctgcccc catgaggtgg catccccttg taaaggagtt	2040
ggggaaggaa gagggcgaga tcttggcatc ctgtgagctg atcctccaga ctgagaagct	2100
tggagagaag cagctgccta tcttaagcgt tccctggaag aatggggcat acacactccc	2160
agagcatc cagcccacga taaagaggat ggccattgag gtgctggcga tgtgggatgg	2220
ggacggtggg caggacaggc gggggtgggtc tggagtgcgc tgcagccttc tgctggctct	2280
ccctgactac tggatccaaa gctcacaccc cgaaaaagac tacctgggag gtggagggag	2340
acaggagaga aacgaagagg ttctgggtgta aacttgaaa tcattttacc acaaactct	2400
gcagtgagga gtaggcaaa ggtgtagca tgcattgatc cttgtgggac tcacgctgcc	2460
cctgcgcagt agcaactact ttgcagagaa ggaaatagag gctccaagag ataacacatt	2520
ccacgcacag tgatgcaggg actaactgac agggccattt agggccagcc ctgtctgact	2580
gcagatgcca ggatgttgct cacctctctt ctgagagtag catgaggggtc ctattcaga	2640
agctgtgtgc cctgccgcaa atgtggcaaa gagcacaaga cggtcaggcc tctgggactg	2700
aaggcttccc caagatcagg caacttggct ggttcccgt ttaggccccg aggaggccca	2760
aagttagggg gcagctatct cctggcagga tgccagggtc ctgaatggcc atggggctct	2820
atgagcta gacggcacag gggccctgag aaatccaggc acttcctgct tcttcaggcc	2880
ccagaggcag tcggcttcag gaactcctac ctgagaactg atgaggccag acaaggcagc	2940
gggtgaggag gggcaatgcc tgcgggctat ggaggtcagt ggaggatgca gccagtggcc	3000
agaggtcacc tccctcatgg gttgggggac agcgtcccag ccccgagggc aagcactgat	3060
ccctcacagg acggggaagc ctgtccttgt gcgccttcag aactggctc ctctgcagcc	3120
ccattccctg gccctgcagg ctctgctgc accgctattg cccctcagcc cccttctctg	3180
gccaggaccc cattacagag gcgctgcctg ccccttgctc tgccctcctt ctttgttctg	3240
gtagatcctg gcctggggcc ttcggaac atg aag aag gcg agc tcc ccc cag	3292
Met Lys Lys Ala Ser Ser Pro Gln	
1 5	
ctc ctg gtg gaa ttc ggg gaa gag tcc ctg agg aca gaa ccc atc agg	3340
Leu Leu Val Glu Phe Gly Glu Glu Ser Leu Arg Thr Glu Pro Ile Arg	
10 15 20	

05.10.04

XPs.ST25.txt

gac ttt cag acc aac ccc aac ttc ccc gag tct gag tct gtc cta gtc Asp Phe Gln Thr Asn Pro Asn Phe Pro Glu Ser Glu Ser Val Leu Val 25 30 35 40	3388
ctc aca gtg ctc atg ccg acg gag gag gcc tat gca ctg ccc ctc gtg Leu Thr Val Leu Met Pro Thr Glu Glu Ala Tyr Ala Leu Pro Leu Val 45 50 55	3436
gtg aag gtg gta gac aac tgg gcc ttc ggc cag cag acc gtg acg ggc Val Lys Val Val Asp Asn Trp Ala Phe Gly Gln Gln Thr Val Thr Gly 60 65 70	3484
cag gcc aac atc gac ttc ctc cag ccc tac ttc tgt gac ccc tgg gct Gln Ala Asn Ile Asp Phe Leu Gln Pro Tyr Phe Cys Asp Pro Trp Ala 75 80 85	3532
caa gac tat atg cac cca aag ctt cca acg ctg tct gag aag aag cac Gln Asp Tyr Met His Pro Lys Leu Pro Thr Leu Ser Glu Lys Lys His 90 95 100	3580
caa gac ttc cta ggc tac ctc tac aga aag ttc tgg ttc aag tcc agt Gln Asp Phe Leu Gly Tyr Leu Tyr Arg Lys Phe Trp Phe Lys Ser Ser 105 110 115 120	3628
aa gca gag gat gag tat gag cat gag gtg gac tgg tgg agc aag ctg Lys Ala Glu Asp Glu Tyr Glu His Glu Val Asp Trp Trp Ser Lys Leu 125 130 135	3676
ttc tgg gcc aca gat gag cac aag tcc ctg aag tac aag tac aaa gac Phe Trp Ala Thr Asp Glu His Lys Ser Leu Lys Tyr Lys Tyr Lys Asp 140 145 150	3724
tac cac acc ctc aag gtg tat gag tgt gag ctg gag gcc gtg cca gcc Tyr His Thr Leu Lys Val Tyr Glu Cys Glu Leu Glu Ala Val Pro Ala 155 160 165	3772
ttc cag ggc ctg cag gac ttc tgc cag acc ttc aaa ctc tac cag gag Phe Gln Gly Leu Gln Asp Phe Cys Gln Thr Phe Lys Leu Tyr Gln Glu 170 175 180	3820
cag ccc aag ttg gac agc ccc gtg gta ggg gag ttc aag ggc ctt ttc Gln Pro Lys Leu Asp Ser Pro Val Val Gly Glu Phe Lys Gly Leu Phe 185 190 195 200	3868
cgc atc tac ccc ttt cct gag aat cca gaa gcc cca aag ccc ccg ctg Gln Ile Tyr Pro Phe Pro Glu Asn Pro Glu Ala Pro Lys Pro Pro Leu 205 210 215	3916
cag ttc ttg gtt tgg cca gag aga gag gac ttc ccc cag ccg tgc ttg Gln Phe Leu Val Trp Pro Glu Arg Glu Asp Phe Pro Gln Pro Cys Leu 220 225 230	3964
gtg cgg gtg tac atg gta cga gcc atc aac ctg cag ccc cag gac tac Val Arg Val Tyr Met Val Arg Ala Ile Asn Leu Gln Pro Gln Asp Tyr 235 240 245	4012
aat ggc ctg tgt gac cct tat gtg atc ctg aaa ctg ggc aag aca gag Asn Gly Leu Cys Asp Pro Tyr Val Ile Leu Lys Leu Gly Lys Thr Glu 250 255 260	4060
ctt ggc aac cgg gac atg tac cag ccc aac act ctg gat ccc atc ttt Leu Gly Asn Arg Asp Met Tyr Gln Pro Asn Thr Leu Asp Pro Ile Phe 265 270 275 280	4108
ggc atg atg ttt gaa ctc acc tgc aac ata ccc ctg gag aag gac cta Gly Met Met Phe Glu Leu Thr Cys Asn Ile Pro Leu Glu Lys Asp Leu 285 290 295	4156

05.10.04

XPs.ST25.txt

gag atc cag ctc tat gac ttc gac cta ttt tca cct gat gat aag ata Glu Ile Gln Leu Tyr Asp Phe Asp Leu Phe Ser Pro Asp Asp Lys Ile 300 305 310	4204
gga acc aca gtc atc gac ctt gaa aac cga ctc cta tct ggc ttt gga Gly Thr Val Ile Asp Leu Glu Asn Arg Leu Leu Ser Gly Phe Gly 315 320 325	4252
gct cat tgt ggg ctc tcc aaa tcc tac tgc cag tca ggg ccc ttt aga Ala His Cys Gly Leu Ser Lys Ser Tyr Cys Gln Ser Gly Pro Phe Arg 330 335 340	4300
tgg cgg gat cag atg ccc cca agc tac ctc cta gaa cgc tat gcc aag Trp Arg Asp Gln Met Pro Pro Ser Tyr Leu Leu Glu Arg Tyr Ala Lys 345 350 355 360	4348
cgg aaa ggg cta cct ccg cct ctg ttc agt cct gag gaa gat gct gtt Arg Lys Gly Leu Pro Pro Pro Leu Phe Ser Pro Glu Glu Asp Ala Val 365 370 375	4396
ttc tat aat ggg aaa aag ttc aag ctg caa agc ttt gag ccc aaa acc Phe Tyr Asn Gly Lys Lys Phe Lys Leu Gln Ser Phe Glu Pro Lys Thr 380 385 390	4444
ttt act gtt cat ggt ttg gga ccc aag aag gaa cgc ctt gca ctg tac Pro Thr Val His Gly Leu Gly Pro Lys Lys Glu Arg Leu Ala Leu Tyr 395 400 405	4492
ctc ctg cac acc cag ggg ctg gta cct gag cac gtg gag acc cgc aca Leu Leu His Thr Gln Gly Leu Val Pro Glu His Val Glu Thr Arg Thr 410 415 420	4540
ctg tac agc cac agc cag cca ggc atc gac cag gga aag gtg caa atg Leu Tyr Ser His Ser Gln Pro Gly Ile Asp Gln Gly Lys Val Gln Met 425 430 435 440	4588
tgg gtg gac atc ttc ccc aag aag ctg ggg cct cct ggc ccc caa gtc Trp Val Asp Ile Phe Pro Lys Lys Leu Gly Pro Pro Gly Pro Gln Val 445 450 455	4636
aac atc aac ccc aga aag cct aaa cgg tat gag ctg cga tgc atc atc Asn Ile Asn Pro Arg Lys Pro Lys Arg Tyr Glu Leu Arg Cys Ile Ile 460 465 470	4684
tgg aag act gcc aat gtg gac ctg gtg gat gac aat tta agt aga gag Trp Lys Thr Ala Asn Val Asp Leu Val Asp Asp Asn Leu Ser Arg Glu 475 480 485	4732
gag acg agc gac atc tac atc aaa ggg tgg tta tac ggg ctg gag aag Lys Thr Ser Asp Ile Tyr Ile Lys Gly Trp Leu Tyr Gly Leu Glu Lys 490 495 500	4780
gac atg cag aag aca gac atc cac tac cac tcg ctg act ggg gag gcc Asp Met Gln Lys Thr Asp Ile His Tyr His Ser Leu Thr Gly Glu Ala 505 510 515 520	4828
gac ttc aac tgg cgg ttc atc ttt acc atg gac tac ctg gcg gcg gag Asp Phe Asn Trp Arg Phe Ile Phe Thr Met Asp Tyr Leu Ala Ala Glu 525 530 535	4876
cgc acg tgt gtc cag agc cag aag gat tac ata tgg agc ctg gat gcc Arg Thr Cys Val Gln Ser Gln Lys Asp Tyr Ile Trp Ser Leu Asp Ala 540 545 550	4924
acg tcc atg aag ttc cca gcc cga ctt atc atc cag gtc tgg gac aat Thr Ser Met Lys Phe Pro Ala Arg Leu Ile Ile Gln Val Trp Asp Asn 555 560 565	4972

05.10.04

XPs.ST25.txt

gac atc ttc tcc ccc gac gac ttc cta ggg gtc ctg gag ctg gat ttg Asp Ile Phe Ser Pro Asp Asp Phe Leu Gly Val Leu Glu Leu Asp Leu 570 575 580	5020
tct gac atg ccc ctc ccg gct cgg cac gcc aag cag tgc tcc atc agg Ser Asp Met Pro Leu Pro Ala Arg His Ala Lys Gln Cys Ser Ile Arg 585 590 595 600	5068
atg atg gac gcc gac ccc aag tgg ccc tat ttc atc caa tac aag cac Met Met Asp Ala Asp Pro Lys Trp Pro Tyr Phe Ile Gln Tyr Lys His 605 610 615	5116
ttc tcc ctc ttt aag aag aag act gtg act ggc tgg tgg cct tgc cag Phe Ser Leu Phe Lys Lys Lys Thr Val Thr Gly Trp Trp Pro Cys Gln 620 625 630	5164
gtc ctc gat ggt ggc aaa tgg cgc ttg tgc ggc aag gtg aag atg agc Val Leu Asp Gly Gly Lys Trp Arg Leu Ser Gly Lys Val Lys Met Ser 635 640 645	5212
ctg gag att ctg tca gag aag gaa gcc tta atc aag cca gcc ggg cga Leu Glu Ile Leu Ser Glu Lys Glu Ala Leu Ile Lys Pro Ala Gly Arg 650 655 660	5260
gc cag tgc gaa ccc aac cag tac ccc aca ctt cat cct ccc cta cgc Gly Gln Ser Glu Pro Asn Gln Tyr Pro Thr Leu His Pro Pro Leu Arg 665 670 675 680	5308
acc aac acc tct ttc acg tgg ctg cgg tca cca gtt caa aac ttc tgc Thr Asn Thr Ser Phe Thr Trp Leu Arg Ser Pro Val Gln Asn Phe Cys 685 690 695	5356
tat att ttc tgg aaa cgc tat cgc ttc aaa ctc ata gcc ttt atg gtc Tyr Ile Phe Trp Lys Arg Tyr Arg Phe Lys Leu Ile Ala Phe Met Val 700 705 710	5404
ata tgc att ata gca ctt atg ctg ttt aac ttc atc tat tca gct ccg Ile Ser Ile Ile Ala Leu Met Leu Phe Asn Phe Ile Tyr Ser Ala Pro 715 720 725	5452
cac tat ttg gcc atg agc tgg atc aaa cct caa ctt cag ctg tat cct His Tyr Leu Ala Met Ser Trp Ile Lys Pro Gln Leu Gln Leu Tyr Pro 730 735 740	5500
ccc att aaa ata ttc aat atc atc aat tca cta aae acc agc aac gcc Pro Ile Lys Ile Phe Asn Ile Ile Asn Ser Leu Asn Thr Ser Asn Ala 750 755 760	5548
agc tct tcc atc ctt ccc acc cag gat cca aac cta aag cct aca ata Ser Ser Ser Ile Leu Pro Thr Gln Asp Pro Asn Leu Lys Pro Thr Ile 765 770 775	5596
gac cat gag tgg aaa ctc cac cca gga ccc aca aat cac ctg agt gat Asp His Glu Trp Lys Leu His Pro Gly Pro Thr Asn His Leu Ser Asp 780 785 790	5644
att ttc cca gaa ctt cca gcc cca gga gac taa ttagtccatg ctgcctggct Ile Phe Pro Glu Leu Pro Ala Pro Gly Asp	5697
ttcctcctgc taccaacagc cctccccttg ggctggctac cagttctttg tttctatctt	5757
ctagaatata tgcaagatgc taggaatatt ctggctattg tgttcagaaa tcactttcaa	5817
caagacgagc agagctgtaa ttttccactg aaataaaciaa gttctataac a	5868

05.10.04

XPs.ST25.txt

<211> 802
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 80

Met Lys Lys Ala Ser Ser Pro Gln Leu Leu Val Glu Phe Gly Glu Glu
1 5 10 15

Ser Leu Arg Thr Glu Pro Ile Arg Asp Phe Gln Thr Asn Pro Asn Phe
20 25 30

Pro Glu Ser Glu Ser Val Leu Val Leu Thr Val Leu Met Pro Thr Glu
35 40 45

Glu Ala Tyr Ala Leu Pro Leu Val Val Lys Val Val Asp Asn Trp Ala
50 55 60

Phe Gly Gln Gln Thr Val Thr Gly Gln Ala Asn Ile Asp Phe Leu Gln
65 70 75 80

Pro Tyr Phe Cys Asp Pro Trp Ala Gln Asp Tyr Met His Pro Lys Leu
85 90 95

Pro Thr Leu Ser Glu Lys Lys His Gln Asp Phe Leu Gly Tyr Leu Tyr
100 105 110

Arg Lys Phe Trp Phe Lys Ser Ser Lys Ala Glu Asp Glu Tyr Glu His
115 120 125

Glu Val Asp Trp Trp Ser Lys Leu Phe Trp Ala Thr Asp Glu His Lys
130 135 140

Ser Leu Lys Tyr Lys Tyr Lys Asp Tyr His Thr Leu Lys Val Tyr Glu
145 150 155 160

Ser Glu Leu Glu Ala Val Pro Ala Phe Gln Gly Leu Gln Asp Phe Cys
165 170 175

Gln Thr Phe Lys Leu Tyr Gln Glu Gln Pro Lys Leu Asp Ser Pro Val
180 185 190

Val Gly Glu Phe Lys Gly Leu Phe Arg Ile Tyr Pro Phe Pro Glu Asn
195 200 205

Pro Glu Ala Pro Lys Pro Pro Leu Gln Phe Leu Val Trp Pro Glu Arg
210 215 220

Glu Asp Phe Pro Gln Pro Cys Leu Val Arg Val Tyr Met Val Arg Ala
225 230 235 240

Ile Asn Leu Gln Pro Gln Asp Tyr Asn Gly Leu Cys Asp Pro Tyr Val
245 250 255

08.10.04

XP5.ST25.txt

Ile Leu Lys Leu Gly Lys Thr Glu Leu Gly Asn Arg Asp Met Tyr Gln
260 265 270

Pro Asn Thr Leu Asp Pro Ile Phe Gly Met Met Phe Glu Leu Thr Cys
275 280 285

Asn Ile Pro Leu Glu Lys Asp Leu Glu Ile Gln Leu Tyr Asp Phe Asp
290 295 300

Leu Phe Ser Pro Asp Asp Lys Ile Gly Thr Thr Val Ile Asp Leu Glu
305 310 315 320

Asn Arg Leu Leu Ser Gly Phe Gly Ala His Cys Gly Leu Ser Lys Ser
325 330 335

Tyr Cys Gln Ser Gly Pro Phe Arg Trp Arg Asp Gln Met Pro Pro Ser
340 345 350

Tyr Leu Leu Glu Arg Tyr Ala Lys Arg Lys Gly Leu Pro Pro Pro Leu
355 360 365

Phe Ser Pro Glu Glu Asp Ala Val Phe Tyr Asn Gly Lys Lys Phe Lys
370 375 380

Leu Gln Ser Phe Glu Pro Lys Thr Pro Thr Val His Gly Leu Gly Pro
385 390 395 400

Lys Lys Glu Arg Leu Ala Leu Tyr Leu Leu His Thr Gln Gly Leu Val
405 410 415

Pro Glu His Val Glu Thr Arg Thr Leu Tyr Ser His Ser Gln Pro Gly
420 425 430

Asp Gln Gly Lys Val Gln Met Trp Val Asp Ile Phe Pro Lys Lys
435 440 445

Leu Gly Pro Pro Gly Pro Gln Val Asn Ile Asn Pro Arg Lys Pro Lys
450 455 460

Arg Tyr Glu Leu Arg Cys Ile Ile Trp Lys Thr Ala Asn Val Asp Leu
465 470 475 480

Val Asp Asp Asn Leu Ser Arg Glu Lys Thr Ser Asp Ile Tyr Ile Lys
485 490 495

Gly Trp Leu Tyr Gly Leu Glu Lys Asp Met Gln Lys Thr Asp Ile His
500 505 510

Tyr His Ser Leu Thr Gly Glu Ala Asp Phe Asn Trp Arg Phe Ile Phe
515 520 525

08.10.04

XPSt25.txt

Thr Met Asp Tyr Leu Ala Ala Glu Arg Thr Cys Val Gln Ser Gln Lys
530 535 540

Asp Tyr Ile Trp Ser Leu Asp Ala Thr Ser Met Lys Phe Pro Ala Arg
545 550 555 560

Leu Ile Ile Gln Val Trp Asp Asn Asp Ile Phe Ser Pro Asp Asp Phe
565 570 575

Leu Gly Val Leu Glu Leu Asp Leu Ser Asp Met Pro Leu Pro Ala Arg
580 585 590

His Ala Lys Gln Cys Ser Ile Arg Met Met Asp Ala Asp Pro Lys Trp
595 600 605

Pro Tyr Phe Ile Gln Tyr Lys His Phe Ser Leu Phe Lys Lys Lys Thr
610 615 620

Val Thr Gly Trp Trp Pro Cys Gln Val Leu Asp Gly Gly Lys Trp Arg
625 630 635 640

Leu Ser Gly Lys Val Lys Met Ser Leu Glu Ile Leu Ser Glu Lys Glu
645 650 655

Ala Leu Ile Lys Pro Ala Gly Arg Gly Gln Ser Glu Pro Asn Gln Tyr
660 665 670

Pro Thr Leu His Pro Pro Leu Arg Thr Asn Thr Ser Phe Thr Trp Leu
675 680 685

Arg Ser Pro Val Gln Asn Phe Cys Tyr Ile Phe Trp Lys Arg Tyr Arg
690 695 700

e Lys Leu Ile Ala Phe Met Val Ile Ser Ile Ile Ala Leu Met Leu
705 710 715 720

Phe Asn Phe Ile Tyr Ser Ala Pro His Tyr Leu Ala Met Ser Trp Ile
725 730 735

Lys Pro Gln Leu Gln Leu Tyr Pro Pro Ile Lys Ile Phe Asn Ile Ile
740 745 750

Asn Ser Leu Asn Thr Ser Asn Ala Ser Ser Ser Ile Leu Pro Thr Gln
755 760 765

Asp Pro Asn Leu Lys Pro Thr Ile Asp His Glu Trp Lys Leu His Pro
770 775 780

Gly Pro Thr Asn His Leu Ser Asp Ile Phe Pro Glu Leu Pro Ala Pro
785 790 795 800

08.10.04

XPs.ST25.txt

Gly Asp

<210> 81
<211> 642
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (2)..(370)
<223>

<400> 81
c atg cat ggg aca ttt gtg att ctg ctg ccg ctc agc ctg atc ctg atg 49
Met His Gly Thr Phe Val Ile Leu Leu Pro Leu Ser Leu Ile Leu Met
1 5 10 15
gtt ttt ggg ggg atg acg ggg ttt ctg agc ttc ctc ctc caa gcc tac 97
Phe Gly Gly Met Thr Gly Phe Leu Ser Phe Leu Leu Gln Ala Tyr
20 25 30
ctc ctc ctc ctg ctc act gga att ctc ttc ctc ttt gga gcc atg gtg 145
Leu Leu Leu Leu Leu Thr Gly Ile Leu Phe Leu Phe Gly Ala Met Val
35 40 45
acc ctc gct ggg atc agc gtc tac ata gcg tat tca gcc gcc gcc ttc 193
Thr Leu Ala Gly Ile Ser Val Tyr Ile Ala Tyr Ser Ala Ala Ala Phe
50 55 60
cgg gag gcg ctg tgt ctc ttg gag gag aag gcc ctc ctg gac cag gtg 241
Arg Glu Ala Leu Cys Leu Leu Glu Glu Lys Ala Leu Leu Asp Gln Val
65 70 75 80
gac atc agc ttc ggc tgg tcc ctg gcc ctg ggc tgg atc agc ttc atc 289
Asp Ile Ser Phe Gly Trp Ser Leu Ala Leu Gly Trp Ile Ser Phe Ile
85 90 95
gcc gag ctg ctc acc ggg gca gcc ttc ctg gca gca gcc cgc gag ctc 337
Ala Glu Leu Leu Thr Gly Ala Ala Phe Leu Ala Ala Ala Arg Glu Leu
100 105 110
c ctg aga cgg agg cag gac cag gcc ata tga gcctgggcgc tgggtcgtg 390
Leu Arg Arg Arg Gln Asp Gln Ala Ile
115 120
aggggagggga ggggcttggc cccggagctt caccgaccga tctccatcgg ctgcggcctc 450
ttcttctcta aaggccactc ggggaggcca ggcaccccc tccttcccc acaaatcccc 510
gcggactaag cttggggcct ggctgttatc ctagtacctg tgtgcttatg tccgtgtgtg 570
tccgtgtggc ctggaggagc ccgagggagt gccaaaccgc ttcgcgagaa ataaaaacga 630
tcctttaatc ac 642

<210> 82
<211> 122
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 82

Met His Gly Thr Phe Val Ile Leu Leu Pro Leu Ser Leu Ile Leu Met

06.10.04

XPs.ST25.txt
10

1

5

15

Val Phe Gly Gly Met Thr Gly Phe Leu Ser Phe Leu Leu Gln Ala Tyr
20 25 30

Leu Leu Leu Leu Thr Gly Ile Leu Phe Leu Phe Gly Ala Met Val
35 40 45

Thr Leu Ala Gly Ile Ser Val Tyr Ile Ala Tyr Ser Ala Ala Ala Phe
50 55 60

Arg Glu Ala Leu Cys Leu Leu Glu Glu Lys Ala Leu Leu Asp Gln Val
65 70 75 80

Asp Ile Ser Phe Gly Trp Ser Leu Ala Leu Gly Trp Ile Ser Phe Ile
85 90 95

Ala Glu Leu Leu Thr Gly Ala Ala Phe Leu Ala Ala Ala Arg Glu Leu
100 105 110

Ser Leu Arg Arg Arg Gln Asp Gln Ala Ile
115 120

<210> 83
<211> 3170
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (51)..(2105)
<223>

<400> 83
ggctcaccga caacttcacg gccgccgtgc gccgccgaga cttcgccaac atg acc 56
Met Thr
1

ctg gtg cac ctc act ctc tcc cgg aac acc atc ggc cag gtg gca 104
r Leu Val His Leu Thr Leu Ser Arg Asn Thr Ile Gly Gln Val Ala
5 10 15

gct ggc gcc ttc gcc gac ctg cgt gcc ctc cgg gcc ctg cac ctg gac 152
Ala Gly Ala Phe Ala Asp Leu Arg Ala Leu Arg Ala Leu His Leu Asp
20 25 30

agc aac cgc ctg gcg gag gtg cgc ggc gac cag ctc cgc ggc ctg ggc 200
Ser Asn Arg Leu Ala Glu Val Arg Gly Asp Gln Leu Arg Gly Leu Gly
35 40 45 50

aac ctc cgc cac ctg atc ctt gga aac aac cag atc cgc cgg gtg gag 248
Asn Leu Arg His Leu Ile Leu Gly Asn Asn Gln Ile Arg Arg Val Glu
55 60 65

tcg gcg gcc ttt gac gcc ttc ctg tcc acc gtg gag gac ctg gat ctg 296
Ser Ala Ala Phe Asp Ala Phe Leu Ser Thr Val Glu Asp Leu Asp Leu
70 75 80

tcc tac aac aac ctg gag gcc ctg ccg tgg gag gcg gtg ggc cag atg 344
Ser Tyr Asn Asn Leu Glu Ala Leu Pro Trp Glu Ala Val Gly Gln Met

08.10.04

XPs.ST25.txt																
85				90				95								
gtg	aac	cta	aac	acc	ctc	acg	ctg	gac	cac	aac	ctc	atc	gac	cac	atc	392
Val	Asn	Leu	Asn	Thr	Leu	Thr	Leu	Asp	His	Asn	Leu	Ile	Asp	His	Ile	
	100					105					110					
gcg	gag	ggg	acc	ttc	gtg	cag	ctt	cac	aag	ctg	gtc	cgt	ctg	gac	atg	440
Ala	Glu	Gly	Thr	Phe	Val	Gln	Leu	His	Lys	Leu	Val	Arg	Leu	Asp	Met	
115					120					125					130	
acc	tcc	aac	cgc	ctg	cat	aaa	ctc	ccg	ccc	gac	ggg	ctc	ttc	ctg	agg	488
Thr	Ser	Asn	Arg	Leu	His	Lys	Leu	Pro	Pro	Asp	Gly	Leu	Phe	Leu	Arg	
				135					140					145		
tcg	cag	ggc	acc	ggg	ccc	aag	ccg	ccc	acc	ccg	ctg	acc	gtc	agc	ttc	536
Ser	Gln	Gly	Thr	Gly	Pro	Lys	Pro	Pro	Thr	Pro	Leu	Thr	Val	Ser	Phe	
			150					155					160			
ggc	ggc	aac	ccc	ctg	cac	tgc	aac	tgc	gag	ctg	ctc	tgg	ctg	cgg	cgg	584
Gly	Gly	Asn	Pro	Leu	His	Cys	Asn	Cys	Glu	Leu	Leu	Trp	Leu	Arg	Arg	
		165				170						175				
ctg	acc	cgc	gag	gac	gac	tta	gag	acc	tgc	gcc	acg	ccc	gaa	cac	ctc	632
Leu	Thr	Arg	Glu	Asp	Asp	Leu	Glu	Thr	Cys	Ala	Thr	Pro	Glu	His	Leu	
	180					185					190					
acc	gac	cgc	tac	ttc	tgg	tcc	atc	ccc	gag	gag	gag	ttc	ctg	tgt	gag	680
Thr	Asp	Arg	Tyr	Phe	Trp	Ser	Ile	Pro	Glu	Glu	Glu	Phe	Leu	Cys	Glu	
195					200					205					210	
ccc	ccg	ctg	atc	aca	cgg	cag	gcg	ggg	ggc	cgg	gcc	ctg	gtg	gtg	gaa	728
Pro	Pro	Leu	Ile	Thr	Arg	Gln	Ala	Gly	Gly	Arg	Ala	Leu	Val	Val	Glu	
				215				220						225		
ggc	cag	gcg	gtg	agc	ctg	cgc	tgc	cga	gcg	gtg	ggt	gac	ccc	gag	ccg	776
Gly	Gln	Ala	Val	Ser	Leu	Arg	Cys	Arg	Ala	Val	Gly	Asp	Pro	Glu	Pro	
			230					235					240			
gtg	gtg	cac	tgg	gtg	gca	cct	gat	ggg	cgg	ctg	ctg	ggg	aac	tcc	agc	824
Val	Val	His	Trp	Val	Ala	Pro	Asp	Gly	Arg	Leu	Leu	Gly	Asn	Ser	Ser	
		245					250					255				
cgg	acc	cgg	gtc	cgg	ggg	gac	ggg	acg	ctg	gat	gtg	acc	atc	acc	acc	872
Arg	Thr	Arg	Val	Arg	Gly	Asp	Gly	Thr	Leu	Asp	Val	Thr	Ile	Thr	Thr	
	260					265					270					
g	agg	gac	agt	ggc	acc	ttc	act	tgt	atc	gcc	tcc	aat	gct	gct	ggg	920
u	Arg	Asp	Ser	Gly	Thr	Phe	Thr	Cys	Ile	Ala	Ser	Asn	Ala	Ala	Gly	
175				280						285					290	
gaa	gcg	acg	gcg	ccc	gtg	gag	gtg	tgc	gtg	gta	cct	ctg	cct	ctg	atg	968
Glu	Ala	Thr	Ala	Pro	Val	Glu	Val	Cys	Val	Val	Pro	Leu	Pro	Leu	Met	
				295				300						305		
gca	ccc	ccg	ccg	gct	gcc	ccg	ccg	cct	ctc	acc	gag	ccc	ggc	tcc	tct	1016
Ala	Pro	Pro	Pro	Ala	Ala	Pro	Pro	Pro	Leu	Thr	Glu	Pro	Gly	Ser	Ser	
				310				315					320			
gac	atc	gcc	acg	ccg	ggc	aga	cca	ggt	gcc	aac	gat	tct	gcg	gct	gag	1064
Asp	Ile	Ala	Thr	Pro	Gly	Arg	Pro	Gly	Ala	Asn	Asp	Ser	Ala	Ala	Glu	
		325					330					335				
cgt	cgg	ctc	gtg	gca	gcc	gag	ctc	acc	tcg	aac	tcc	gtg	ctc	atc	cgc	1112
Arg	Arg	Leu	Val	Ala	Ala	Glu	Leu	Thr	Ser	Asn	Ser	Val	Leu	Ile	Arg	
		340				345					350					
tgg	cca	gcc	cag	agg	cct	gtg	ccc	gga	ata	cgc	atg	tac	cag	gtt	cag	1160
Trp	Pro	Ala	Gln	Arg	Pro	Val	Pro	Gly	Ile	Arg	Met	Tyr	Gln	Val	Gln	

05.10.04

XPs.ST25.txt																	
355	360										365	370					
tac	aac	agt	tcc	gtt	gat	gac	tcc	ctc	gtc	tac	agg	atg	atc	ccg	tcc	1208	
Tyr	Asn	Ser	Ser	Val	Asp	Asp	Ser	Leu	Val	Tyr	Arg	Met	Ile	Pro	Ser		
				375					380					385			
acc	agt	cag	acc	ttc	ctg	gtg	aat	gac	ctg	gcg	gcg	ggc	cgt	gcc	tac	1256	
Thr	Ser	Gln	Thr	Phe	Leu	Val	Asn	Asp	Leu	Ala	Ala	Gly	Arg	Ala	Tyr		
			390					395					400				
gac	ttg	tgc	gtg	ctg	gcg	gtc	tac	gac	gac	ggg	gcc	aca	gcg	ctg	ccg	1304	
Asp	Leu	Cys	Val	Leu	Ala	Val	Tyr	Asp	Asp	Gly	Ala	Thr	Ala	Leu	Pro		
		405					410					415					
gca	acg	cga	gtg	gtg	ggc	tgt	gta	cag	ttc	acc	acc	gct	ggg	gat	ccg	1352	
Ala	Thr	Arg	Val	Val	Gly	Cys	Val	Gln	Phe	Thr	Thr	Ala	Gly	Asp	Pro		
	420					425					430						
gcg	ccc	tgc	cgc	ccg	ctg	agg	gcc	cat	ttc	ttg	ggc	ggc	acc	atg	atc	1400	
Ala	Pro	Cys	Arg	Pro	Leu	Arg	Ala	His	Phe	Leu	Gly	Gly	Thr	Met	Ile		
435					440					445					450		
atc	gcc	atc	ggg	ggc	gtc	atc	gtc	gcc	tcg	gtc	ctc	gtc	ttc	atc	gtt	1448	
Ile	Ala	Ile	Gly	Gly	Val	Ile	Val	Ala	Ser	Val	Leu	Val	Phe	Ile	Val		
				455					460					465			
ctg	ctc	atg	atc	cgc	tat	aag	gtg	tat	ggc	gac	ggg	gac	agc	cgc	cgc	1496	
Leu	Leu	Met	Ile	Arg	Tyr	Lys	Val	Tyr	Gly	Asp	Gly	Asp	Ser	Arg	Arg		
			470					475					480				
gtc	aag	ggc	tcc	agg	tcg	ctc	ccg	cgg	gtc	agc	cac	gtg	tgc	tcg	cag	1544	
Val	Lys	Gly	Ser	Arg	Ser	Leu	Pro	Arg	Val	Ser	His	Val	Cys	Ser	Gln		
		485					490					495					
acc	aac	ggc	gca	ggc	aca	ggc	gcg	gca	cag	gcc	ccg	gcc	ctg	ccg	gcc	1592	
Thr	Asn	Gly	Ala	Gly	Thr	Gly	Ala	Ala	Gln	Ala	Pro	Ala	Leu	Pro	Ala		
	500					505					510						
cag	gac	cac	tac	gag	gcg	ctg	cgc	gag	gtg	gag	tcc	cag	gct	gcc	ccc	1640	
Gln	Asp	His	Tyr	Glu	Ala	Leu	Arg	Glu	Val	Glu	Ser	Gln	Ala	Ala	Pro		
515				520					525						530		
gcc	gtc	gcc	gtc	gag	gcc	aag	gcc	atg	gag	gcc	gag	acg	gca	tcc	gcg	1688	
Ala	Val	Ala	Val	Glu	Ala	Lys	Ala	Met	Glu	Ala	Glu	Thr	Ala	Ser	Ala		
				535				540						545			
g	ccg	gag	gtg	gtc	ctt	gga	cgt	tct	ctg	ggc	ggc	tcg	gcc	acc	tcg	1736	
u	Pro	Glu	Val	Val	Leu	Gly	Arg	Ser	Leu	Gly	Gly	Ser	Ala	Thr	Ser		
			550					555					560				
ctg	tgc	ctg	ctg	cca	tcc	gag	gaa	act	tcc	ggg	gag	gag	tct	cgg	gcc	1784	
Leu	Cys	Leu	Leu	Pro	Ser	Glu	Glu	Thr	Ser	Gly	Glu	Glu	Ser	Arg	Ala		
		565					570					575					
gcg	gtg	ggc	cct	cga	agg	agc	cga	tcc	ggc	gcc	ctg	gag	cca	cca	acc	1832	
Ala	Val	Gly	Pro	Arg	Arg	Ser	Arg	Ser	Gly	Ala	Leu	Glu	Pro	Pro	Thr		
	580					585					590						
tcg	gcg	ccc	cct	act	cta	gct	cta	gtt	cct	ggg	gga	gcc	gcg	gcc	cgg	1880	
Ser	Ala	Pro	Pro	Thr	Leu	Ala	Leu	Val	Pro	Gly	Gly	Ala	Ala	Ala	Arg		
595					600					605					610		
ccg	agg	ccg	cag	cag	cgc	tat	tcg	ttc	gac	ggg	gac	tac	ggg	gca	cta	1928	
Pro	Arg	Pro	Gln	Gln	Arg	Tyr	Ser	Phe	Asp	Gly	Asp	Tyr	Gly	Ala	Leu		
				615					620					625			
ttc	cag	agc	cac	agt	tac	ccg	cgc	cgc	gcc	cgg	cgg	aca	aag	cgc	cac	1976	
Phe	Gln	Ser	His	Ser	Tyr	Pro	Arg	Arg	Ala	Arg	Arg	Thr	Lys	Arg	His		

05.10.04

XPs.ST25.txt
635

640

cgg tcc acg ccg cac ctg gac ggg gct gga ggg ggc gcg gcc ggg gag	2024
Arg Ser Thr Pro His Leu Asp Gly Ala Gly Gly Gly Ala Ala Gly Glu	
645 650 655	
gat gga gac ctg ggg ctg ggc tcc gcc agg gcg tgc ctg gct ttc acc	2072
Asp Gly Asp Leu Gly Leu Gly Ser Ala Arg Ala Cys Leu Ala Phe Thr	
660 665 670	
agc acc gag tgg atg ctg gag agt acc gtg tga gcggcgggcg ggcgccggga	2125
Ser Thr Glu Trp Met Leu Glu Ser Thr Val	
675 680	
cgctgggtg ccgcagacca aacgcccgag cgacgggag ctggggcggg actgggagaa	2185
agcgagcgc caagacattg gaccagagt gagacgcgcc cttgtccccg ggagggggcg	2245
gggcagcctc gggctgcggc tcgaggccac gccccgtgc ccaggcgggg gttcggggac	2305
cggctgccgg cctcccttcc cctatggact cctcgacccc cctcctaccc ctccctcgc	2365
gcgctgcgg acctcgttg agccggtgcc ttacacagcg aagcgcgggg aggggcaggg	2425
ccccctgaca ctgcagcact gagacagag cccctcccc cagcccgta cccggggccg	2485
gggcgagggg ccattttctt gtatctggct ggactagatc ctattctgtc ccgcggcggc	2545
ctccaaagcc tcccaccca cccacgcac attcctggtc cggtcgggtc tggcttgggg	2605
tcccccttc tctgtttccc tcgtttgtct ctatcccgcc ctcttctgtc ctctctgtag	2665
tgctgtctt tccctatttg cctctccttt ctctctgtcc tgtcgtctct tgtccctcgg	2725
ccctccctgg ttttgtctag tctccctgtc tctcctgatt tcttctcttt actcattctc	2785
ccgggcaggt cccactggaa ggaccagact ctcccaaata aatccccaca cgaacaaaat	2845
ccaaaaccaa atccccctcc ctaccggagc cgggaccctc cgccgcagca gaattaaact	2905
tttttctgtg tctgaggccc tgctgacctg tgtgtgtgtc tgtatgtgtg tccgcgtgta	2965
gtgtgtgtgt gtgtgtgtgt gtgtgtgtgt gtgtgtgtgt gttgggggag ggtgacctag	3025
attgcagcat aaggactcta agtgagactg aaggaagatg ggaagatgac taactggggc	3085
gaggagac tggcagacag gcttttatcc tctgagagac ttagaggtgg ggaataatca	3145
aaaaataaa atgatacataa tagct	3170

<210> 84
<211> 684
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 84

Met Thr Ser Leu Val His Leu Thr Leu Ser Arg Asn Thr Ile Gly Gln
1 5 10 15

Val Ala Ala Gly Ala Phe Ala Asp Leu Arg Ala Leu Arg Ala Leu His
20 25 30

Leu Asp Ser Asn Arg Leu Ala Glu Val Arg Gly Asp Gln Leu Arg Gly
35 40 45

08.10.04

XP5.ST25.txt

Leu Gly Asn Leu Arg His Leu Ile Leu Gly Asn Asn Gln Ile Arg Arg
50 55 60

Val Glu Ser Ala Ala Phe Asp Ala Phe Leu Ser Thr Val Glu Asp Leu
65 70 75 80

Asp Leu Ser Tyr Asn Asn Leu Glu Ala Leu Pro Trp Glu Ala Val Gly
85 90 95

Gln Met Val Asn Leu Asn Thr Leu Thr Leu Asp His Asn Leu Ile Asp
100 105 110

His Ile Ala Glu Gly Thr Phe Val Gln Leu His Lys Leu Val Arg Leu
115 120 125

Asp Met Thr Ser Asn Arg Leu His Lys Leu Pro Pro Asp Gly Leu Phe
130 135 140

Leu Arg Ser Gln Gly Thr Gly Pro Lys Pro Pro Thr Pro Leu Thr Val
145 150 155 160

Ser Phe Gly Gly Asn Pro Leu His Cys Asn Cys Glu Leu Leu Trp Leu
165 170 175

Arg Arg Leu Thr Arg Glu Asp Asp Leu Glu Thr Cys Ala Thr Pro Glu
180 185 190

His Leu Thr Asp Arg Tyr Phe Trp Ser Ile Pro Glu Glu Glu Phe Leu
195 200 205

Cys Glu Pro Pro Leu Ile Thr Arg Gln Ala Gly Gly Arg Ala Leu Val
210 215 220

Val Glu Gly Gln Ala Val Ser Leu Arg Cys Arg Ala Val Gly Asp Pro
225 230 235 240

Glu Pro Val Val His Trp Val Ala Pro Asp Gly Arg Leu Leu Gly Asn
245 250 255

Ser Ser Arg Thr Arg Val Arg Gly Asp Gly Thr Leu Asp Val Thr Ile
260 265 270

Thr Thr Leu Arg Asp Ser Gly Thr Phe Thr Cys Ile Ala Ser Asn Ala
275 280 285

Ala Gly Glu Ala Thr Ala Pro Val Glu Val Cys Val Val Pro Leu Pro
290 295 300

Leu Met Ala Pro Pro Pro Ala Ala Pro Pro Pro Leu Thr Glu Pro Gly
305 310 315 320

05.10.04

XP5.ST25.txt

Ser Ser Asp Ile Ala Thr Pro Gly Arg Pro Gly Ala Asn Asp Ser Ala
325 330 335

Ala Glu Arg Arg Leu Val Ala Ala Glu Leu Thr Ser Asn Ser Val Leu
340 345 350

Ile Arg Trp Pro Ala Gln Arg Pro Val Pro Gly Ile Arg Met Tyr Gln
355 360 365

Val Gln Tyr Asn Ser Ser Val Asp Asp Ser Leu Val Tyr Arg Met Ile
370 375 380

Pro Ser Thr Ser Gln Thr Phe Leu Val Asn Asp Leu Ala Ala Gly Arg
385 390 395 400

Ala Tyr Asp Leu Cys Val Leu Ala Val Tyr Asp Asp Gly Ala Thr Ala
405 410 415

Leu Pro Ala Thr Arg Val Val Gly Cys Val Gln Phe Thr Thr Ala Gly
420 425 430

Asp Pro Ala Pro Cys Arg Pro Leu Arg Ala His Phe Leu Gly Gly Thr
435 440 445

Met Ile Ile Ala Ile Gly Gly Val Ile Val Ala Ser Val Leu Val Phe
450 455 460

Ile Val Leu Leu Met Ile Arg Tyr Lys Val Tyr Gly Asp Gly Asp Ser
465 470 475 480

Arg Arg Val Lys Gly Ser Arg Ser Leu Pro Arg Val Ser His Val Cys
485 490 495

Arg Gln Thr Asn Gly Ala Gly Thr Gly Ala Ala Gln Ala Pro Ala Leu
500 505 510

Pro Ala Gln Asp His Tyr Glu Ala Leu Arg Glu Val Glu Ser Gln Ala
515 520 525

Ala Pro Ala Val Ala Val Glu Ala Lys Ala Met Glu Ala Glu Thr Ala
530 535 540

Ser Ala Glu Pro Glu Val Val Leu Gly Arg Ser Leu Gly Gly Ser Ala
545 550 555 560

Thr Ser Leu Cys Leu Leu Pro Ser Glu Glu Thr Ser Gly Glu Glu Ser
565 570 575

Arg Ala Ala Val Gly Pro Arg Arg Ser Arg Ser Gly Ala Leu Glu Pro
580 585 590

05.10.04

XPs.ST25.txt

Pro Thr Ser Ala Pro Pro Thr Leu Ala Leu Val Pro Gly Gly Ala Ala
595 600 605

Ala Arg Pro Arg Pro Gln Gln Arg Tyr Ser Phe Asp Gly Asp Tyr Gly
610 615 620

Ala Leu Phe Gln Ser His Ser Tyr Pro Arg Arg Ala Arg Arg Thr Lys
625 630 635 640

Arg His Arg Ser Thr Pro His Leu Asp Gly Ala Gly Gly Gly Ala Ala
645 650 655

Gly Glu Asp Gly Asp Leu Gly Leu Gly Ser Ala Arg Ala Cys Leu Ala
660 665 670

Phe Thr Ser Thr Glu Trp Met Leu Glu Ser Thr Val
675 680

<210> 85
<211> 2206
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1023)..(1304)
<223>

<400> 85
cgacaacgtc acccgagac cggccaatcc cgccaggccg cggcccagtg gcgccggcgc 60
acaccgaaga cgacaccagc catccggcca atcccgcccc gccgcgcccc gcaggcccg 120
ccactcctcg cttctccact tcccttctcg aagtgtccgg tcgcttctcg caggcggcgc 180
gcttgctggg tcacagttag gcggctccgc gcaggcgcag ccgggcgggc gaggagcggg 240
gaagctgact cagggtgctg gccggggtcc tgcggggtag gagcgcgagg ccggcctgag 300
aggaggcc tagcgacca tccggcgctt cccgccccgg gcaccgccc gcggccgcgc 360
atcctgcggg cccaggagg cctccatctc aaaacaacgt gtttttagga tctcatccac 420
tatcacagtt tcagctttcc ccaaactgga atgtgtcttt gcagacgccc atccttatta 480
aagggcaaag acttttcata cacctaggat ggatcttata ttcttggcgg gactgcagag 540
aaggtgccgt gtcctgagtc ctcatgtcag ggcacaggct tccagccagt tctacctggg 600
ttatgtttat ctcaattccc tgggtggtatt ggtgtctgct gggttttgcc agaataaga 660
cacgtgtttt tcatattgtca gttgattcgt attttccagg aagacattct gagattacag 720
cattgtctta gtcaagggtc tgcagaagga cagaactaat aggatatatg tacatatgaa 780
agaaagttaa tgaagaactg gctcacacca tcacaaggca aagtcccatg acaggccatc 840
tgcaagctga ggagcgagga agccagcagt ggctcagccg gagtccaaca gcctcaaacg 900
gaatccaaca gttcaggctt cagtctgtgg ccaaatgccc agagaccccg gaaagctact 960

05.10.04

XPs.ST25.txt

```
gggtgtagtc ccagagccgg aaggccaaag aacctggagt gtgatgtcca agggcaggag 1020
ga atg gac aga agc atc cag cat ggg gta aag acg aaa gcc aga aga 1067
  Met Asp Arg Ser Ile Gln His Gly Val Lys Thr Lys Ala Arg Arg
  1         5         10        15
ctc agc aag cta gct tac cta ctt tct tct gcc tgc ctt gtt cta gcc 1115
Leu Ser Lys Leu Ala Tyr Leu Leu Ser Ser Ala Cys Leu Val Leu Ala
                20                25                30
gcg ctg gca gcc ggt tgg agg gtg ccc acc ccc act gag ggt gga tct 1163
Ala Leu Ala Ala Gly Trp Arg Val Pro Thr Pro Thr Glu Gly Gly Ser
                35                40                45
tcc tct cct agt cca ctg act caa att tca gtc tct ctg gga gca cca 1211
Ser Ser Pro Ser Pro Leu Thr Gln Ile Ser Val Ser Leu Gly Ala Pro
                50                55                60
tca cac cag aaa caa tac cag cca tct agc cac cct tca gtt cac cat 1259
Ser His Gln Lys Gln Tyr Gln Pro Ser Ser His Pro Ser Val His His
                65                70                75
cac aac cat tgt ctt att cat gaa act tct gca gac cca cct taa 1304
His Asn His Cys Leu Ile His Glu Thr Ser Ala Asp Pro Pro
                80                85                90
cctccatcgg tgacttctac ctgaagccct ctgattgttg cccagtgggtg ctttttaaaa 1364
taatttccat agtttcttct acaccttttag ttggcattct actgtaaagg agagatttta 1424
ttttcttact catttatttg ttagtttata gtcaccacca tatggatgca gagttctgtc 1484
tcattcactg ggaagtattc tattgcagtc atgatttatt ttgatgttca catcccagag 1544
ttggtgagtg agcgccccctt cacgctggct cccgagtgtc gacgtgtccc cgtccttctc 1604
tgcacttttc cttacctcct ggcctcagat attccagggt catttgttct ctccctgtctc 1664
caaccctgca gtcagccatc tccctagggg cgttggttcc tttatggaag gtggcattta 1724
gaagccagga tttgggctga gcaactgtggc tcatgcttgt aatcccagca cttggggagg 1784
ccgaagtggg cggatcgctg gaggccaaaga gtctgagacc agcctggcta acatggtgaa 1844
acccttcccc gtctctacta caaataaaaa attagctggg tgtgttggca cgtgcctgta 1904
cccgattta ctcaggaggc tgaagcacca gaatctcttg aaccaggag gccgagggtg 1964
cagtgaacca agattgcacc actgcactac agcttgggtg acagcgcgag acaccgtctc 2024
aaaaaggata ataatttaaa aaacagcagg atttgggtga gcagtgcgct cattgcttct 2084
gggctctctc ggtggacata ggctaggaat gtaagatgta tgtgcctgtg tatatacaca 2144
cgtctgtagc tatgtctatg ttgcatacat gtgtttttcc aaaaaccaa tccataacca 2204
tg                                                                 2206
```

<210> 86
<211> 93
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 86

Met Asp Arg Ser Ile Gln His Gly Val Lys Thr Lys Ala Arg Arg Leu

05.10.04

XP5.ST25.txt
10

1

5

15

Ser Lys Leu Ala Tyr Leu Leu Ser Ser Ala Cys Leu Val Leu Ala Ala
20 25 30

Leu Ala Ala Gly Trp Arg Val Pro Thr Pro Thr Glu Gly Gly Ser Ser
35 40 45

Ser Pro Ser Pro Leu Thr Gln Ile Ser Val Ser Leu Gly Ala Pro Ser
50 55 60

His Gln Lys Gln Tyr Gln Pro Ser Ser His Pro Ser Val His His His
65 70 75 80

Asn His Cys Leu Ile His Glu Thr Ser Ala Asp Pro Pro
85 90

<210> 87
<211> 1038
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1038)
<223>

<400> 87
atg atc gcc acc ggc ggc ctg cta agg att tcc gcc aga aag cag gat 48
Met Ile Ala Thr Gly Gly Leu Leu Arg Ile Ser Ala Arg Lys Gln Asp
1 5 10 15

cca ctc cgc ccc cca agc cag ata ccc aag cgc aag cgg aaa gcc aag 96
Pro Leu Arg Pro Pro Ser Gln Ile Pro Lys Arg Lys Arg Lys Ala Lys
20 25 30

aag agg cgc aag aac gac gtg gtg gtg gtg aaa ggc aag ctg aag ctg 144
Lys Arg Arg Lys Asn Asp Val Val Val Lys Gly Lys Leu Lys Leu
35 40 45

c tcc atc tca ggc ctc atc gcc ctc tgt ggc atc ctg gtg ctg ctg 192
Ser Ile Ser Gly Leu Ile Ala Leu Cys Gly Ile Leu Val Leu Leu
50 55 60

gtg ggc ata gcc atg gcg gtg gtg ggc tac tgg ccc aag gcc acc ggc 240
Val Gly Ile Ala Met Ala Val Val Gly Tyr Trp Pro Lys Ala Thr Gly
65 70 75 80

acc aat cgg gag ggc ggt aag cag ctg ccg cct gcg ggc agc agc cac 288
Thr Asn Arg Glu Gly Gly Lys Gln Leu Pro Pro Ala Gly Ser Ser His
85 90 95

cgg gtc cca acc acg gcc aac agc agt agc agt ggc agc aaa aac cgg 336
Arg Val Pro Thr Thr Ala Asn Ser Ser Ser Ser Gly Ser Lys Asn Arg
100 105 110

tcc agg agc cac cct agg gct cca ggc ggt gtc aac tcc agt tcc gcg 384
Ser Arg Ser His Pro Arg Ala Pro Gly Gly Val Asn Ser Ser Ser Ala
115 120 125

ggc gcg ccc agg agc acg cct cca gca cga gcc gcc tcc ccg tcc tcc 432
Gly Ala Pro Arg Ser Thr Pro Pro Ala Arg Ala Ala Ser Pro Ser Ser
seite 116

05.10.04

XP5.ST25.txt
140

130	135	140	
tcc tcc acg tcc gtg ggc ttc ttc ttc cgc atc ttc tct ggc tac ctg Ser Ser Thr Ser Val Gly Phe Phe Phe Arg Ile Phe Ser Gly Tyr Leu 145 150 155 160			480
cac tct gac aag ctc aag gtc ttc ggg ccc ctc atc atg ggc atc ggc His Ser Asp Lys Leu Lys Val Phe Gly Pro Leu Ile Met Gly Ile Gly 165 170 175			528
atc ttc ctc ttc atc tgc gca aac gcg gtc ctc cac gag aac cgg gac Ile Phe Leu Phe Ile Cys Ala Asn Ala Val Leu His Glu Asn Arg Asp 180 185 190			576
aag aag acc aaa atc atc aac ctg cgg gac ctc tac tcc acc gtc atc Lys Lys Thr Lys Ile Ile Asn Leu Arg Asp Leu Tyr Ser Thr Val Ile 195 200 205			624
gac ccc ccg ccc tcc ccg ggg agt gcg gac ccg gac tcc agc cct ctg Asp Pro Pro Pro Ser Pro Gly Ser Ala Asp Pro Asp Ser Ser Pro Leu 210 215 220			672
gcc aag gcc gcc tcc ccc tcg cca ccc ctg cgg ctg gag ggc tcg ccc Ala Lys Ala Ala Ser Pro Ser Pro Pro Leu Arg Leu Glu Gly Ser Pro 225 230 235 240			720
ccc acc agg cgg gac tcc ggg agc tcc cag tcg gat gac cca tcc agc Pro Thr Arg Arg Asp Ser Gly Ser Ser Gln Ser Asp Asp Pro Ser Ser 245 250 255			768
agc aat aag ggc tac aca ccc ctg cgg gag gcc ggc acc tcc acc gag Ser Asn Lys Gly Tyr Thr Pro Leu Arg Glu Ala Gly Thr Ser Thr Glu 260 265 270			816
tcg gtc ttg gac gca gta gct ggt caa acg cga gac tct gct gtg gcc Ser Val Leu Asp Ala Val Ala Gly Gln Thr Arg Asp Ser Ala Val Ala 275 280 285			864
gcc ccc gtt ctg ggt gcg gag cag agc tcg ccg gag ggt gcc agc cag Ala Pro Val Leu Gly Ala Glu Gln Ser Ser Pro Glu Gly Ala Ser Gln 290 295 300			912
gag cca ccc acg gcc gag caa cct cag ccg gtg cag agg cag ttt aca Glu Pro Pro Thr Ala Glu Gln Pro Gln Pro Val Gln Arg Gln Phe Thr 305 310 315 320			960
c aag gag aaa ctc atc atg att tcc agg tct cat gcc ata ggg gta n Lys Glu Lys Leu Ile Met Ile Ser Arg Ser His Ala Ile Gly Val 325 330 335			1008
gaa gaa gaa ctg gaa agc aca ggc att tag Glu Glu Glu Leu Glu Ser Thr Gly Ile 340 345			1038

<210> 88
<211> 345
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 88

Met Ile Ala Thr Gly Gly Leu Leu Arg Ile Ser Ala Arg Lys Gln Asp
1 5 10 15

Pro Leu Arg Pro Pro Ser Gln Ile Pro Lys Arg Lys Arg Lys Ala Lys
20 25 30

05.10.04

XPs.ST25.txt

Lys Arg Arg Lys Asn Asp Val Val Val Val Lys Gly Lys Leu Lys Leu
35 40 45
Cys Ser Ile Ser Gly Leu Ile Ala Leu Cys Gly Ile Leu Val Leu Leu
50 55 60
Val Gly Ile Ala Met Ala Val Val Gly Tyr Trp Pro Lys Ala Thr Gly
65 70 75 80
Thr Asn Arg Glu Gly Gly Lys Gln Leu Pro Pro Ala Gly Ser Ser His
85 90 95
Arg Val Pro Thr Thr Ala Asn Ser Ser Ser Ser Gly Ser Lys Asn Arg
100 105 110
Ser Arg Ser His Pro Arg Ala Pro Gly Gly Val Asn Ser Ser Ser Ala
115 120 125
Gly Ala Pro Arg Ser Thr Pro Pro Ala Arg Ala Ala Ser Pro Ser Ser
130 135 140
Ser Ser Thr Ser Val Gly Phe Phe Phe Arg Ile Phe Ser Gly Tyr Leu
145 150 155 160
His Ser Asp Lys Leu Lys Val Phe Gly Pro Leu Ile Met Gly Ile Gly
165 170 175
Ile Phe Leu Phe Ile Cys Ala Asn Ala Val Leu His Glu Asn Arg Asp
180 185 190
Lys Lys Thr Lys Ile Ile Asn Leu Arg Asp Leu Tyr Ser Thr Val Ile
195 200 205
Pro Pro Pro Ser Pro Gly Ser Ala Asp Pro Asp Ser Ser Pro Leu
210 215 220
Ala Lys Ala Ala Ser Pro Ser Pro Pro Leu Arg Leu Glu Gly Ser Pro
225 230 235 240
Pro Thr Arg Arg Asp Ser Gly Ser Ser Gln Ser Asp Asp Pro Ser Ser
245 250 255
Ser Asn Lys Gly Tyr Thr Pro Leu Arg Glu Ala Gly Thr Ser Thr Glu
260 265 270
Ser Val Leu Asp Ala Val Ala Gly Gln Thr Arg Asp Ser Ala Val Ala
275 280 285
Ala Pro Val Leu Gly Ala Glu Gln Ser Ser Pro Glu Gly Ala Ser Gln
290 295 300

05.10.04

XP5.ST25.txt

Glu Pro Pro Thr Ala Glu Gln Pro Gln Pro Val Gln Arg Gln Phe Thr
305 310 315 320

Asn Lys Glu Lys Leu Ile Met Ile Ser Arg Ser His Ala Ile Gly Val
325 330 335

Glu Glu Glu Leu Glu Ser Thr Gly Ile
340 345

<210> 89
<211> 2217
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(2217)
<223>

<400> 89
atg gtt tgc acg ttc gat tct gag ctt ctg aat tgt caa agg aaa gat 48
Met Val Cys Thr Phe Asp Ser Glu Leu Leu Asn Cys Gln Arg Lys Asp
1 5 10 15

gaa tat aat cag ttc cag act tat cgg gcc cat aaa ata aaa gcc aaa 96
Glu Tyr Asn Gln Phe Gln Thr Tyr Arg Ala His Lys Ile Lys Ala Lys
20 25 30

aga agc ata gcc act cct gaa aac ctg aag aaa tta ttg cca cgt gtt 144
Arg Ser Ile Ala Thr Pro Glu Asn Leu Lys Lys Leu Leu Pro Arg Val
35 40 45

ccc aaa aac agt gcc ctg agt gat gaa atg aca aag ctt cac aaa gga 192
Pro Lys Asn Ser Ala Leu Ser Asp Glu Met Thr Lys Leu His Lys Gly
50 55 60

gct aag cca tgc aaa tca aat aca ttt gga tgt ttt cct att cat cag 240
Ala Lys Pro Cys Lys Ser Asn Thr Phe Gly Cys Phe Pro Ile His Gln
65 70 75 80

ct gta ctt tca ggt tcc aaa gaa tgc atg gaa ata ata ttg aag ttt 288
a Val Leu Ser Gly Ser Lys Glu Cys Met Glu Ile Ile Leu Lys Phe
85 90 95

ggt gaa gag cac ggg tac agc aga cag tgt cac atc aac ttt gtg gat 336
Gly Glu Glu His Gly Tyr Ser Arg Gln Cys His Ile Asn Phe Val Asp
100 105 110

aac ggg aaa gcc agc cct ctc cat ctg gct gtg caa aat ggt gac ttg 384
Asn Gly Lys Ala Ser Pro Leu His Leu Ala Val Gln Asn Gly Asp Leu
115 120 125

gaa atg atg aaa atg tgc ctg gac aat ggt gta caa ata gac cta gtg 432
Glu Met Met Lys Met Cys Leu Asp Asn Gly Val Gln Ile Asp Leu Val
130 135 140

gag atg caa cag atc aaa gag ctg gta atg gat gaa gac aac gat ggg 480
Glu Met Gln Gln Ile Lys Glu Leu Val Met Asp Glu Asp Asn Asp Gly
145 150 155 160

tgt act cct cta cat tat gca tgt aga cag ggg ggc cct ggt tct gta 528
Cys Thr Pro Leu His Tyr Ala Cys Arg Gln Gly Gly Pro Gly Ser Val
165 170 175

05.10.04

XPs.ST25.txt

aat aac cta ctt ggc ttt aat gtg tcc att cat tcc aaa agc aaa gat Asn Asn Leu Leu Gly Phe Asn Val Ser Ile His Ser Lys Ser Lys Asp 180 185 190	576
aag aaa tca cct ctg cat ttt gca gcc agt tat ggg cgt atc aat acc Lys Lys Ser Pro Leu His Phe Ala Ala Ser Tyr Gly Arg Ile Asn Thr 195 200 205	624
tgt cag agg ctc cta caa gac ata agt gat acg agg ctt ctg aat gaa Cys Gln Arg Leu Leu Gln Asp Ile Ser Asp Thr Arg Leu Leu Asn Glu 210 215 220	672
ggg gac ctt cat gga atg act cct ctc cat ctg gca gca aag aat gga Gly Asp Leu His Gly Met Thr Pro Leu His Leu Ala Ala Lys Asn Gly 225 230 235 240	720
cat gat aaa gta gtt cag ctt ctt ctg aaa aaa ggt gca ttg ttt ctc His Asp Lys Val Val Gln Leu Leu Leu Lys Lys Gly Ala Leu Phe Leu 245 250 255	768
aga tgg gat gaa tgt ctt aag gtt ttt agt cat tat tct cca aac aat Arg Trp Asp Glu Cys Leu Lys Val Phe Ser His Tyr Ser Pro Asn Asn 260 265 270	816
aaa tgt cca att ttg gaa atg atc gaa tac ctc cct gaa tgc atg aag Lys Cys Pro Ile Leu Glu Met Ile Glu Tyr Leu Pro Glu Cys Met Lys 275 280 285	864
aaa gtt cta ccc ttc ttt tct aat gtt cac gta aga cct gct cca aac Lys Val Leu Pro Phe Phe Ser Asn Val His Val Arg Pro Ala Pro Asn 290 295 300	912
cag aat caa ata aac cat gga gaa cac agg ttg gct tac gga ttt ata Gln Asn Gln Ile Asn His Gly Glu His Arg Leu Ala Tyr Gly Phe Ile 305 310 315 320	960
gcc cat atg ata aat cta gga ttt tac tgt ctt ggt ctc ata cca atg Ala His Met Ile Asn Leu Gly Phe Tyr Cys Leu Gly Leu Ile Pro Met 325 330 335	1008
acc ttt ctt gtt gtc aga ata aaa cca gga atg gct ttc aac tct gct Thr Phe Leu Val Val Arg Ile Lys Pro Gly Met Ala Phe Asn Ser Ala 340 345 350	1056
aaa atc atc aat aaa act agt gat cat tca gaa ata cta gat aac atg Val Ile Ile Asn Lys Thr Ser Asp His Ser Glu Ile Leu Asp Asn Met 355 360 365	1104
aat tca agt cta ata aca att tgt atg att tta gtt ttt tgc tca agt Asn Ser Ser Leu Ile Thr Ile Cys Met Ile Leu Val Phe Cys Ser Ser 370 375 380	1152
ata tta ggg tat gtc aaa gaa gtg gtt caa att ttc caa cag aaa agg Ile Leu Gly Tyr Val Lys Glu Val Val Gln Ile Phe Gln Gln Lys Arg 385 390 395 400	1200
aat tac ttt atg gat att agc agt agt act gaa tgg att atc aac acg Asn Tyr Phe Met Asp Ile Ser Ser Ser Thr Glu Trp Ile Ile Asn Thr 405 410 415	1248
atg ggc ccc att tta gtg ctg ccc ttg ttc act gaa ata gca gcc cat Met Gly Pro Ile Leu Val Leu Pro Leu Phe Thr Glu Ile Ala Ala His 420 425 430	1296
ctg caa ttt gag aat tgt gga att ttc att gtt ata ttg gag gta att Leu Gln Phe Glu Asn Cys Gly Ile Phe Ile Val Ile Leu Glu Val Ile 435 440 445	1344

08.10.04

XP5.ST25.txt

ttt aaa act ttg ttg agg tct gca gtt gta ttt ttc ttc ctt ctt ttg Phe Lys Thr Leu Leu Arg Ser Ala Val Val Phe Phe Phe Leu Leu Leu 450 455 460	1392
gct ttt gga ctc agc ttt tac gtc ctc ctg aat tta cag tcc ttc cta Ala Phe Gly Leu Ser Phe Tyr Val Leu Leu Asn Leu Gln Ser Phe Leu 465 470 475 480	1440
gaa cca ttt ctg aag aat aaa ttg gca cat cca gtt ctg tcc ttt gca Glu Pro Phe Leu Lys Asn Lys Leu Ala His Pro Val Leu Ser Phe Ala 485 490 495	1488
cag ctt att tcc ttc aca gta ttt gcc cca att gtc ctc atg aat tta Gln Leu Ile Ser Phe Thr Val Phe Ala Pro Ile Val Leu Met Asn Leu 500 505 510	1536
ctt att ggt ttg gca gtt ggt gac att gct gag gtc cag aaa cat gca Leu Ile Gly Leu Ala Val Gly Asp Ile Ala Glu Val Gln Lys His Ala 515 520 525	1584
tca ttg aag agg ata gct atg cag aag ctg cca tgc tgt tgc ata cgc Ser Leu Lys Arg Ile Ala Met Gln Lys Leu Pro Cys Cys Cys Ile Arg 530 535 540	1632
aaa gtg gat cgg aaa tcc acc gcc gta tgt ccc aac aaa ccc aga tgt Lys Val Asp Arg Lys Ser Thr Ala Val Cys Pro Asn Lys Pro Arg Cys 545 550 555 560	1680
gat ggg aca tta ttt caa gtc cta ctc gct cta ggc ccc cta ccc cta Asp Gly Thr Leu Phe Gln Val Leu Leu Ala Leu Gly Pro Leu Pro Leu 565 570 575	1728
gaa gaa aat aga aac ata aaa agt ttt ctt cct act gag atc act gtt Glu Glu Asn Arg Asn Ile Lys Ser Phe Leu Pro Thr Glu Ile Thr Val 580 585 590	1776
aag agg act cac gaa cac ctt cct tct gca ggt ttt ggt cat cat ggg Lys Arg Thr His Glu His Leu Pro Ser Ala Gly Phe Gly His His Gly 595 600 605	1824
aaa cat acc ttg tcc ttg ctt ttg gta gaa gag tgg ctt cct ctg aat Lys His Thr Leu Ser Leu Leu Val Glu Glu Trp Leu Pro Leu Asn 610 615 620	1872
aaa gta cac tcc tct tgc tct gcc ttc aga gtg gtt ggc cag atc ttt Val Val His Ser Ser Cys Ser Ala Phe Arg Val Val Gly Gln Ile Phe 625 630 635 640	1920
ccc att aga cat ttt cag tgg att cat gtg aat gag ccg cac act ggc Pro Ile Arg His Phe Gln Trp Ile His Val Asn Glu Pro His Thr Gly 645 650 655	1968
aat tta aaa gag aaa ttg gct gct cca tac atc act cac cag atc aag Asn Leu Lys Glu Lys Leu Ala Ala Pro Tyr Ile Thr His Gln Ile Lys 660 665 670	2016
cca ttc ttg cga gca gct ggt ttt tgc aca gtg aag gtg gtc cag aga Pro Phe Leu Arg Ala Ala Gly Phe Cys Thr Val Lys Val Val Gln Arg 675 680 685	2064
gat gac atc tct gtg tgg agt gtg gat ttc agg tgg ctc aat gca tgg Asp Asp Ile Ser Val Trp Ser Val Asp Phe Arg Trp Leu Asn Ala Trp 690 695 700	2112
gaa gca gcg att cga aag cag tct ctc aga caa tct gag atg gag gaa Glu Ala Ala Ile Arg Lys Gln Ser Leu Arg Gln Ser Glu Met Glu Glu 705 710 715 720	2160

06.10.04

XP5.ST25.txt

ctg agc tgc tgc ctg ctg ctg cgt gtc act gat gtg cac aca aga agc 2208
Leu Ser Cys Ser Leu Leu Leu Arg Val Thr Asp Val His Thr Arg Ser
725 730 735

ttg tat tag 2217
Leu Tyr

<210> 90
<211> 738
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 90

Met Val Cys Thr Phe Asp Ser Glu Leu Leu Asn Cys Gln Arg Lys Asp
1 5 10 15

Glu Tyr Asn Gln Phe Gln Thr Tyr Arg Ala His Lys Ile Lys Ala Lys
20 25 30

Arg Ser Ile Ala Thr Pro Glu Asn Leu Lys Lys Leu Leu Pro Arg Val
35 40 45

Pro Lys Asn Ser Ala Leu Ser Asp Glu Met Thr Lys Leu His Lys Gly
50 55 60

Ala Lys Pro Cys Lys Ser Asn Thr Phe Gly Cys Phe Pro Ile His Gln
65 70 75 80

Ala Val Leu Ser Gly Ser Lys Glu Cys Met Glu Ile Ile Leu Lys Phe
85 90 95

Gly Glu Glu His Gly Tyr Ser Arg Gln Cys His Ile Asn Phe Val Asp
100 105 110

Asn Gly Lys Ala Ser Pro Leu His Leu Ala Val Gln Asn Gly Asp Leu
115 120 125

Glu Met Met Lys Met Cys Leu Asp Asn Gly Val Gln Ile Asp Leu Val
130 135 140

Glu Met Gln Gln Ile Lys Glu Leu Val Met Asp Glu Asp Asn Asp Gly
145 150 155 160

Cys Thr Pro Leu His Tyr Ala Cys Arg Gln Gly Gly Pro Gly Ser Val
165 170 175

Asn Asn Leu Leu Gly Phe Asn Val Ser Ile His Ser Lys Ser Lys Asp
180 185 190

Lys Lys Ser Pro Leu His Phe Ala Ala Ser Tyr Gly Arg Ile Asn Thr
195 200 205

05.10.04

XPs.ST25.txt

Cys Gln Arg Leu Leu Gln Asp Ile Ser Asp Thr Arg Leu Leu Asn Glu
210 215 220

Gly Asp Leu His Gly Met Thr Pro Leu His Leu Ala Ala Lys Asn Gly
225 230 235 240

His Asp Lys Val Val Gln Leu Leu Leu Lys Lys Gly Ala Leu Phe Leu
245 250 255

Arg Trp Asp Glu Cys Leu Lys Val Phe Ser His Tyr Ser Pro Asn Asn
260 265 270

Lys Cys Pro Ile Leu Glu Met Ile Glu Tyr Leu Pro Glu Cys Met Lys
275 280 285

Lys Val Leu Pro Phe Phe Ser Asn Val His Val Arg Pro Ala Pro Asn
290 295 300

Gln Asn Gln Ile Asn His Gly Glu His Arg Leu Ala Tyr Gly Phe Ile
305 310 315 320

Ala His Met Ile Asn Leu Gly Phe Tyr Cys Leu Gly Leu Ile Pro Met
325 330 335

Thr Phe Leu Val Val Arg Ile Lys Pro Gly Met Ala Phe Asn Ser Ala
340 345 350

Gly Ile Ile Asn Lys Thr Ser Asp His Ser Glu Ile Leu Asp Asn Met
355 360 365

Asn Ser Ser Leu Ile Thr Ile Cys Met Ile Leu Val Phe Cys Ser Ser
370 375 380

Ile Leu Gly Tyr Val Lys Glu Val Val Gln Ile Phe Gln Gln Lys Arg
385 390 395 400

Asn Tyr Phe Met Asp Ile Ser Ser Ser Thr Glu Trp Ile Ile Asn Thr
405 410 415

Met Gly Pro Ile Leu Val Leu Pro Leu Phe Thr Glu Ile Ala Ala His
420 425 430

Leu Gln Phe Glu Asn Cys Gly Ile Phe Ile Val Ile Leu Glu Val Ile
435 440 445

Phe Lys Thr Leu Leu Arg Ser Ala Val Val Phe Phe Phe Leu Leu Leu
450 455 460

Ala Phe Gly Leu Ser Phe Tyr Val Leu Leu Asn Leu Gln Ser Phe Leu
465 470 475 480

05.10.04

XP5.ST25.txt

Glu Pro Phe Leu Lys Asn Lys Leu Ala His Pro Val Leu Ser Phe Ala
485 490 495

Gln Leu Ile Ser Phe Thr Val Phe Ala Pro Ile Val Leu Met Asn Leu
500 505 510

Leu Ile Gly Leu Ala Val Gly Asp Ile Ala Glu Val Gln Lys His Ala
515 520 525

Ser Leu Lys Arg Ile Ala Met Gln Lys Leu Pro Cys Cys Cys Ile Arg
530 535 540

Lys Val Asp Arg Lys Ser Thr Ala Val Cys Pro Asn Lys Pro Arg Cys
545 550 555 560

Asp Gly Thr Leu Phe Gln Val Leu Leu Ala Leu Gly Pro Leu Pro Leu
565 570 575

Glu Glu Asn Arg Asn Ile Lys Ser Phe Leu Pro Thr Glu Ile Thr Val
580 585 590

Lys Arg Thr His Glu His Leu Pro Ser Ala Gly Phe Gly His His Gly
595 600 605

Lys His Thr Leu Ser Leu Leu Leu Val Glu Glu Trp Leu Pro Leu Asn
610 615 620

Val Val His Ser Ser Cys Ser Ala Phe Arg Val Val Gly Gln Ile Phe
625 630 635 640

Pro Ile Arg His Phe Gln Trp Ile His Val Asn Glu Pro His Thr Gly
645 650 655

Leu Lys Glu Lys Leu Ala Ala Pro Tyr Ile Thr His Gln Ile Lys
660 665 670

Pro Phe Leu Arg Ala Ala Gly Phe Cys Thr Val Lys Val Val Gln Arg
675 680 685

Asp Asp Ile Ser Val Trp Ser Val Asp Phe Arg Trp Leu Asn Ala Trp
690 695 700

Glu Ala Ala Ile Arg Lys Gln Ser Leu Arg Gln Ser Glu Met Glu Glu
705 710 715 720

Leu Ser Cys Ser Leu Leu Leu Arg Val Thr Asp Val His Thr Arg Ser
725 730 735

Leu Tyr

05.10.04

XPs.ST25.txt

<210> 91
<211> 2179
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1675)..(1962)
<223>

<400> 91
ttctgtgttt gtgtcttcaa aacagctgct atcaccaata attaaaccat aaaaaaccga 60
aattatTTTT ccctctgggg tgattacaac cacacgggag ctgtgatgag agtcacaggg 120
gttccatctc caaagtgacc ttaagatctg aggtgaccac tgcaactcca agccatcctg 180
aaagctattc ttgtgaccaa atcaacagct ctttccaaga aaaaaagacc ttattgatgt 240
gaagtcttga cactgcctcc tgggagcatc gtcctgtaat caagggcaga aaactctgtg 300
gtgtgacatg tgtgtaaatt catgtgtgtg cccatagggc caccattagg ctaaaaggcc 360
ctatgacat ccattgtggga attatttctt cctccctcca ggcagatgca gccccatgct 420
aacttgtgga acaggttttg tttcaggccg cacttactct tttagacaaa gttacaactg 480
ttcacaacac ctgtgtgtgt gtgtgcgggg gggggggggg gtgtctatat gcgaagattt 540
caaaaacata tcagaaatta ctccaagag gtatcccttt ttatctggag ggcataacat 600
cgttctagat ttatacaggg aggtggatat ttaaagctgc cattaatctt tcaatatcat 660
tcctgtagtt tcaaattctga cttcaaaatt gatgtagaaa aagactcact gacatcctga 720
catctcagga tcctacctgt cactttacct ggactaaaga ccttcgaaca tccatgctgt 780
ccaggggcac tcacccca gggctataaa tcacaaatag ttgttcttta tttcagttta 840
cttcatgaat taattatgca gccaatagga accccatttt tccacctccc cccgaattaa 900
aacacacaca cacacacaca cacacacaca ctcggtcag tcaaaccctg ataggttcca 960
ctgaaccag aactatggaa gatggtggag atacacagat gaacaagccc tgatcctggc 1020
caagtta cttagagtct caaatctat tcagttaatt gaaaaaagt taaatctgtg 1080
ctagatagca cccaaggatg gctgctatca attcttctt tccctatgtg ctccatcat 1140
caagaagcag aggctagttc acccactctg gggctggcct catgactttg tttagaccaat 1200
aaactatgta tggtaaacad ggcactgtgc caatttcaag tttagactag aagcttccac 1260
ttttctgctt tctggggaag ccagcggcta taaagaagca taggctagac ttctgagggg 1320
tcagatgcca catggagaaa gagaggccac atggagtaaa atcaagacac cttccagccc 1380
taccatcagc tgaatgcagc taagtgcact gaggggaaca aagagcctcc cagccaagag 1440
ccctgctcaa attgctgact tgcagaatca tgagaaaaac gtagtttggg gctgttggtt 1500
aggcagcaat aacaaattat tgggtgagaaa acaaaattat tgggtgagaaa attaacacag 1560
tcaaaacagc tatttaacct tgtgcagaaa aaatactgtt ttaaaaagca gacatctcac 1620
tgtggtctac tttccaattg gttgtctggc catatactga ctgaggtact gcat atg 1677
Met

08.10.04

XP.S.T25.txt

1

```

aaa ccc tat atg aaa aat cat gtg gac tgg agg gaa tcc aag aga cag 1725
Lys Pro Tyr Met Lys Asn His Val Asp Trp Arg Glu Ser Lys Arg Gln
5 10 15

aag ttg tgg ttc cta caa cct ggt act tcc tcc tca cct aga tgg ttt 1773
Lys Leu Trp Phe Leu Gln Pro Gly Thr Ser Ser Ser Pro Arg Trp Phe
20 25 30

tcc ata aga aaa aaa aat tat gtc ttc cat ttc ttt ggc act gtc cta 1821
Ser Ile Arg Lys Lys Asn Tyr Val Phe His Phe Phe Gly Thr Val Leu
35 40 45

tta aag atc tct gca tat tat gcc gag cgc ata tgg gcc atc aat gaa 1869
Leu Lys Ile Ser Ala Tyr Tyr Ala Glu Arg Ile Trp Ala Ile Asn Glu
50 55 60 65

tat aaa tgg att gag ttt gta aag ttt aac tca aat ttc aat ccc cag 1917
Tyr Lys Trp Ile Glu Phe Val Lys Phe Asn Ser Asn Phe Asn Pro Gln
70 75 80

ttt ttt cca ccc tct gcc ttt cga tct tta gtc ctg tta cat tga 1962
Phe Phe Pro Pro Ser Ala Phe Arg Ser Leu Val Leu Leu His
85 90 95

ggcccaagac ttagggttga attgaagtat ctcggtcagc aagagaaaag gagttttgac 2022
ttaagaactc aaggcctagg agaatgggggt cacatgggtca cttcacatgt tctcttttagc 2082
acaccattcc tgcattggaat tccattctctg aagccctttg gtgggggggct atcttgtatg 2142
tgacagttta aagtaaaaagt gtctggaatg gagttttc 2179

```

<210> 92
 <211> 95
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 92

Met Lys Pro Tyr Met Lys Asn His Val Asp Trp Arg Glu Ser Lys Arg
1 5 10 15

Lys Leu Trp Phe Leu Gln Pro Gly Thr Ser Ser Ser Pro Arg Trp
20 25 30

Phe Ser Ile Arg Lys Lys Asn Tyr Val Phe His Phe Phe Gly Thr Val
35 40 45

Leu Leu Lys Ile Ser Ala Tyr Tyr Ala Glu Arg Ile Trp Ala Ile Asn
50 55 60

Glu Tyr Lys Trp Ile Glu Phe Val Lys Phe Asn Ser Asn Phe Asn Pro
65 70 75 80

Gln Phe Phe Pro Pro Ser Ala Phe Arg Ser Leu Val Leu Leu His
85 90 95

<210> 93
 <211> 4556

XP5.ST25.txt

[illegible]

05.10.04

XP5.ST25.txt

ctc agc cgg act att gag aag atc aat ggt gtg gcc cgc tgc ccc tat Leu Ser Arg Thr Ile Glu Lys Ile Asn Gly Val Ala Arg Cys Pro Tyr 220 225 230	846
gac cca cgc cac aac tcc aca gct gtc atc tcc tcc cag ggg gag ctc Asp Pro Arg His Asn Ser Thr Ala Val Ile Ser Ser Gln Gly Glu Leu 235 240 245	894
tat gca gcc acg gtc atc gac ttc tca ggt cgg gac cct gcc atc tac Tyr Ala Ala Thr Val Ile Asp Phe Ser Gly Arg Asp Pro Ala Ile Tyr 250 255 260	942
cgc agc ctg ggc agt ggg cca ccg ctt cgc act gcc caa tat aac tcc Arg Ser Leu Gly Ser Gly Pro Pro Leu Arg Thr Ala Gln Tyr Asn Ser 265 270 275	990
aag tgg ctt aat gag cca aac ttc gtg gca gcc tat gat att ggg ctg Lys Trp Leu Asn Glu Pro Asn Phe Val Ala Ala Tyr Asp Ile Gly Leu 280 285 290 295	1038
ttt gca tac ttc ttc ctg cgg gag aac gca gtg gag cac gac tgt gga Phe Ala Tyr Phe Phe Leu Arg Glu Asn Ala Val Glu His Asp Cys Gly 300 305 310	1086
cgc acc gtg tac tct cgc gtg gcc cgc gtg tgc aag aat gac gtg ggg Arg Thr Val Tyr Ser Arg Val Ala Arg Val Cys Lys Asn Asp Val Gly 315 320 325	1134
ggc cga ttc ctg ctg gag gac aca tgg acc aca ttc atg aag gcc cgg Gly Arg Phe Leu Leu Glu Asp Thr Trp Thr Thr Phe Met Lys Ala Arg 330 335 340	1182
ctc aac tgc tcc cgc ccg ggc gag gtc ccc ttc tac tat aac gag ctg Leu Asn Cys Ser Arg Pro Gly Glu Val Pro Phe Tyr Tyr Asn Glu Leu 345 350 355	1230
cag agt gcc ttc cac ttg ccg gag cag gac ctc atc tat gga gtt ttc Gln Ser Ala Phe His Leu Pro Glu Gln Asp Leu Ile Tyr Gly Val Phe 360 365 370 375	1278
aca acc aac gta aac agc atc gcg gct tct gct gtc tgc gcc ttc aac Thr Thr Asn Val Asn Ser Ile Ala Ala Ser Ala Val Cys Ala Phe Asn 380 385 390	1326
agc gct atc tcc cag gct ttc aat ggc cca ttt cgc tac cag gag Ser Ala Ile Ser Gln Ala Phe Asn Gly Pro Phe Arg Tyr Gln Glu 395 400 405	1374
aac ccc agg gct gcc tgg ctc ccc ata gcc aac ccc atc ccc aat ttc Asn Pro Arg Ala Ala Trp Leu Pro Ile Ala Asn Pro Ile Pro Asn Phe 410 415 420	1422
cag tgt ggc acc ctg cct gag acc ggt ccc aac gag aac ctg acg gag Gln Cys Gly Thr Leu Pro Glu Thr Gly Pro Asn Glu Asn Leu Thr Glu 425 430 435	1470
cgc agc ctg cag gac gcg cag cgc ctc ttc ctg atg agc gag gcc gtg Arg Ser Leu Gln Asp Ala Gln Arg Leu Phe Leu Met Ser Glu Ala Val 440 445 450 455	1518
cag ccg gtg aca ccc gag ccc tgt gtc acc cag gac agc gtg cgc ttc Gln Pro Val Thr Pro Glu Pro Cys Val Thr Gln Asp Ser Val Arg Phe 460 465 470	1566
tca cac ctc gtg gtg gac ctg gtg cag gct aaa gac acg ctc tac cat Ser His Leu Val Val Asp Leu Val Gln Ala Lys Asp Thr Leu Tyr His 475 480 485	1614

05.10.04

XP5.ST25.txt

gta ctc tac att ggc acc gag tcg ggc acc atc ctg aag gcg ctg tcc Val Leu Tyr Ile Gly Thr Glu Ser Gly Thr Ile Leu Lys Ala Leu Ser 490 495 500	1662
acg gcg agc cgc agc ctc cac ggc tgc tac ctg gag gag ctg cac gtg Thr Ala Ser Arg Ser Leu His Gly Cys Tyr Leu Glu Glu Leu His Val 505 510 515	1710
ctg ccc ccc ggg cgc cgc gag ccc ctg cgc agc ctg cgc atc ctg cac Leu Pro Pro Gly Arg Arg Glu Pro Leu Arg Ser Leu Arg Ile Leu His 520 525 530	1758
agc gcc cgc gcg ctc ttc gtg ggg ctg aga gac ggc gtc ctg cgg gtc Ser Ala Arg Ala Leu Phe Val Gly Leu Arg Asp Gly Val Leu Arg Val 540 545 550	1806
cca ctg gag agg tgc gcc gcc tac cgc agc cag ggg gca tgc ctg ggg Pro Leu Glu Arg Cys Ala Ala Tyr Arg Ser Gln Gly Ala Cys Leu Gly 555 560 565	1854
gcc cgg gac ccg tac tgt ggc tgg gac ggg aag cag caa cgt tgc agc Ala Arg Asp Pro Tyr Cys Gly Trp Asp Gly Lys Gln Gln Arg Cys Ser 570 575 580	1902
aca ctc gag gac agc tcc aac atg agc ctc tgg acc cag aac atc acc Thr Leu Glu Asp Ser Ser Asn Met Ser Leu Trp Thr Gln Asn Ile Thr 585 590 595	1950
gcc tgt cct gtg cgg aat gtg aca cgg gat ggg ggc ttc ggc cca tgg Ala Cys Pro Val Arg Asn Val Thr Arg Asp Gly Gly Phe Gly Pro Trp 600 605 610 615	1998
tca cca tgg caa cca tgt gag cac ttg gat ggg gac aac tca ggc tct Ser Pro Trp Gln Pro Cys Glu His Leu Asp Gly Asp Asn Ser Gly Ser 620 625 630	2046
tgc ctg tgt cga gct cga tcc tgt gat tcc cct cga ccc cgc tgt ggg Cys Leu Cys Arg Ala Arg Ser Cys Asp Ser Pro Arg Pro Arg Cys Gly 635 640 645	2094
ggc ctt gac tgc ctg ggg cca gcc atc cac atc gcc aac tgc tcc agg Gly Leu Asp Cys Leu Gly Pro Ala Ile His Ile Ala Asn Cys Ser Arg 650 655 660	2142
ggg gcg tgg acc ccg tgg tca tcg tgg gcg ctg tgc agc acg tcc Gly Ala Trp Thr Pro Trp Ser Ser Trp Ala Leu Cys Ser Thr Ser 665 670 675	2190
tgt ggc atc ggc ttc cag gtc cgc cag cga agt tgc agc aac cct gct Cys Gly Ile Gly Phe Gln Val Arg Gln Arg Ser Cys Ser Asn Pro Ala 680 685 690 695	2238
ccc cgc cac ggg ggc cgc atc tgc gtg ggc aag agc cgg gag gaa cgg Pro Arg His Gly Gly Arg Ile Cys Val Gly Lys Ser Arg Glu Glu Arg 700 705 710	2286
ttc tgt aat gag aac acg cct tgc ccg gtg ccc atc ttc tgg gct tcc Phe Cys Asn Glu Asn Thr Pro Cys Pro Val Pro Ile Phe Trp Ala Ser 715 720 725	2334
tgg ggc tcc tgg agc aag tgc agc agc aac tgt gga ggg ggc atg cag Trp Gly Ser Trp Ser Lys Cys Ser Ser Asn Cys Gly Gly Met Gln 730 735 740	2382
tcg cgg cgt cgg gcc tgc gag aac ggc aac tcc tgc ctg ggc tgc ggc Ser Arg Arg Arg Ala Cys Glu Asn Gly Asn Ser Cys Leu Gly Cys Gly 745 750 755	2430

05.10.04

XPs.ST25.txt

gtg gag ttc aag acg tgc aac ccc gag ggc tgc ccc gaa gtg cgg cgc Val Glu Phe Lys Thr Cys Asn Pro Glu Gly Cys Pro Glu Val Arg Arg 760 765 770 775	2478
aac acc ccc tgg acg ccg tgg ctg ccc gtg aac gtg acg cag ggc ggg Asn Thr Pro Trp Thr Pro Trp Leu Pro Val Asn Val Thr Gln Gly Gly 780 785 790	2526
gca cgg cag gag cag ccg ttc cgc ttc acc tgc cgc gcg ccc ctt gca Ala Arg Gln Glu Gln Arg Phe Arg Phe Thr Cys Arg Ala Pro Leu Ala 795 800 805	2574
gac ccg cac ggc ctg cag ttc ggc agg aga agg acc gag acg agg acc Asp Pro His Gly Leu Gln Phe Gly Arg Arg Arg Thr Glu Thr Arg Thr 810 815 820	2622
tgt ccc gcg gac ggc tcc ggc tcc tgc gac acc gac gcc ctg gtg gag Cys Pro Ala Asp Gly Ser Gly Ser Cys Asp Thr Asp Ala Leu Val Glu 825 830 835	2670
gtc ctc ctg cgc agc ggc agc acc tcc ccg cac acg gtg agc ggc ggc Val Leu Leu Arg Ser Gly Ser Thr Ser Pro His Thr Val Ser Gly Gly 840 845 850 855	2718
tgg gcc gcc tgg ggc ccg tgg tcg tcc tgc tcc ccg gac tgc gag ctg Trp Ala Ala Trp Gly Pro Trp Ser Ser Cys Ser Arg Asp Cys Glu Leu 860 865 870	2766
ggc ttc cgc gtc cgc aag aga acg tgc act aac ccg gag ccc cgc aac Gly Phe Arg Val Arg Lys Arg Thr Cys Thr Asn Pro Glu Pro Arg Asn 875 880 885	2814
ggg ggc ctg ccc tgc gtg ggc gat gct gcc gag tac cag gac tgc aac Gly Gly Leu Pro Cys Val Gly Asp Ala Ala Glu Tyr Gln Asp Cys Asn 890 895 900	2862
ccc cag gct tgc cca gtt ccg ggt gct tgg tcc tgc tgg acc tca tgg Pro Gln Ala Cys Pro Val Arg Gly Ala Trp Ser Cys Trp Thr Ser Trp 905 910 915	2910
tct cca tgc tca gct tcc tgt ggt ggc ggt cac tat caa cgc acc cgt Ser Pro Cys Ser Ala Ser Cys Gly Gly Gly His Tyr Gln Arg Thr Arg 920 925 930 935	2958
tgc acc agc ccc gca ccc tcc cca ggt gag gac atc tgt ctc ggc Cys Thr Ser Pro Ala Pro Ser Pro Gly Glu Asp Ile Cys Leu Gly 940 945 950	3006
ctg cac acg gag gag gca cta tgt gcc aca cag gcc tgc cca gaa ggc Leu His Thr Glu Glu Ala Leu Cys Ala Thr Gln Ala Cys Pro Glu Gly 955 960 965	3054
tgg tcg ccc tgg tct gag tgg agt aag tgc act gac gac gga gcc cag Trp Ser Pro Trp Ser Glu Trp Ser Lys Cys Thr Asp Asp Gly Ala Gln 970 975 980	3102
agc cga agc ccg cac tgt gag gag ctc ctc cca ggc tcc agc gcc tgt Ser Arg Ser Arg His Cys Glu Glu Leu Leu Pro Gly Ser Ser Ala Cys 985 990 995	3150
gct gga aac agc agc cag agc cgc ccc tgc ccc tac agc gag att Ala Gly Asn Ser Ser Gln Ser Arg Pro Cys Pro Tyr Ser Glu Ile 1000 1005 1010	3195
ccc gtc atc ctg cca gcc tcc agc atg gag gag gcc acc gac tgt Pro Val Ile Leu Pro Ala Ser Ser Met Glu Glu Ala Thr Asp Cys 1015 1020 1025	3240

08.10.04

XPs.ST25.txt

gca Ala 1030	ggg Gly	ttc Phe	aat Asn	ctc Leu	atc Ile 1035	cac His	ttg Leu	gtg Val	gcc Ala	acg Thr 1040	ggc Gly	atc Ile	tcc Ser	tgc Cys	3285
ttc Phe 1045	ttg Leu	ggc Gly	tct Ser	ggg Gly	ctc Leu 1050	ctg Leu	acc Thr	cta Leu	gca Ala	gtg Val 1055	tac Tyr	ctg Leu	tct Ser	tgc Cys	3330
cag Gln 1060	cac His	tgc Cys	cag Gln	cgt Arg	cag Gln 1065	tcc Ser	cag Gln	gag Glu	tcc Ser	aca Thr 1070	ctg Leu	gtc Val	cat His	cct Pro	3375
gcc Ala 1075	acc Thr	ccc Pro	aac Asn	cat His	ttg Leu 1080	cac His	tac Tyr	aag Lys	ggc Gly	gga Gly 1085	ggc Gly	acc Thr	ccg Pro	aag Lys	3420
aat Asn 1090	gaa Glu	aag Lys	tac Tyr	aca Thr	ccc Pro 1095	atg Met	gaa Glu	ttc Phe	aag Lys	acc Thr 1100	ctg Leu	aac Asn	aag Lys	aat Asn	3465
aac Asn 1105	ttg Leu	atc Ile	cct Pro	gat Asp	gac Asp 1110	aga Arg	gcc Ala	aac Asn	ttc Phe	tac Tyr 1115	cca Pro	ttg Leu	cag Gln	cag Gln	3510
acc Thr 1120	aat Asn	gtg Val	tac Tyr	acg Thr	act Thr 1125	act Thr	tac Tyr	tac Tyr	cca Pro	agc Ser 1130	ccc Pro	ctg Leu	aac Asn	aaa Lys	3555
cac His 1135	agc Ser	ttc Phe	cgg Arg	ccc Pro	gag Glu 1140	gcc Ala	tca Ser	cct Pro	gga Gly	caa Gln 1145	cgg Arg	tgc Cys	ttc Phe	ccc Pro	3600
aac Asn 1150	agc Ser	tga	taccg	cgcgtc	ctgggg	actt	gggctt	ccttg	ccttcataag						3649
gcacagagca	gatggagatg	ggacagtgga	gccagtttgg	ttttctccct	ctgcactagg										3709
ccaagaactt	gctgccttgc	ctgtgggggg	tcccatccgg	cttcagagag	ctctggctgg										3769
cattgacat	gggggaaagg	gctggtttca	ggctgacata	tggccgcagg	tccagttcag										3829
cccaggtctc	tcatggttat	cttccaaccc	actgtcacgc	tgacactatg	ctgccatgcc										3889
gctgtgg	acctactggg	catttgagga	attggagaat	ggagatggca	agagggcagg										3949
cttaagtt	tgggttgagg	acaacttcct	gtggcccca	caagctgagt	ctggccttct										4009
ccagctggcc	ccaaaaaagg	cctttgctac	atcctgatta	tctctgaaag	taatcaatca										4069
agtggctcca	gtagctctgg	atcttctgcc	agggctgggc	cattgtggtg	ctgccccagt										4129
atgacatggg	accaaggcca	gcgcaggtta	tccacctctg	cctggaagtc	tatactctac										4189
ccagggcatc	cctctggtca	gaggcagtga	gtactgggaa	ctggaggctg	acctgtgctt										4249
agaagtcctt	taatctgggc	tggtacaggc	ctcagccttg	ccctcaatgc	acgaaagggtg										4309
gcccaggaga	gaggatcaat	gccataggag	gcagaagtct	ggcctctgtg	cctctatgga										4369
gactatcttc	cagttgctgc	tcaacagagt	tgttggctga	gacctgcttg	ggagtctctg										4429
ctggcccttc	atctgttcag	gaacacacac	acacacacac	tcacacacgc	acacacaatc										4489
acaatttgct	acagcaacaa	aaaagacatt	gggctgtggc	attattaatt	aaagatgata										4549
tccagtc															4556

05.10.04

XP.s.ST25.txt

<210> 94
<211> 1151
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 94

Met Pro Cys Gly Phe Ser Pro Ser Pro Val Ala His His Leu Val Pro
1 5 10 15

Gly Pro Pro Asp Thr Pro Ala Gln Gln Leu Arg Cys Gly Trp Thr Val
20 25 30

Gly Gly Trp Leu Leu Ser Leu Val Arg Gly Leu Leu Pro Cys Leu Pro
35 40 45

Pro Gly Ala Arg Thr Ala Glu Gly Pro Ile Met Val Leu Ala Gly Pro
50 55 60

Leu Ala Val Ser Leu Leu Leu Pro Ser Leu Thr Leu Leu Val Ser His
65 70 75 80

Leu Ser Ser Ser Gln Asp Val Ser Ser Glu Pro Ser Ser Glu Gln Gln
85 90 95

Leu Cys Ala Leu Ser Lys His Pro Thr Val Ala Phe Glu Asp Leu Gln
100 105 110

Pro Trp Val Ser Asn Phe Thr Tyr Pro Gly Ala Arg Asp Phe Ser Gln
115 120 125

Leu Ala Leu Asp Pro Ser Gly Asn Gln Leu Ile Val Gly Ala Arg Asn
130 135 140

Leu Phe Arg Leu Ser Leu Ala Asn Val Ser Leu Leu Gln Ala Thr
150 155 160

Glu Trp Ala Ser Ser Glu Asp Thr Arg Arg Ser Cys Gln Ser Lys Gly
165 170 175

Lys Thr Glu Glu Glu Cys Gln Asn Tyr Val Arg Val Leu Ile Val Ala
180 185 190

Gly Arg Lys Val Phe Met Cys Gly Thr Asn Ala Phe Ser Pro Met Cys
195 200 205

Thr Ser Arg Gln Val Gly Asn Leu Ser Arg Thr Ile Glu Lys Ile Asn
210 215 220

Gly Val Ala Arg Cys Pro Tyr Asp Pro Arg His Asn Ser Thr Ala Val
225 230 235 240

05.10.04

XPs.ST25.txt

Ile Ser Ser Gln Gly Glu Leu Tyr Ala Ala Thr Val Ile Asp Phe Ser
245 250 255

Gly Arg Asp Pro Ala Ile Tyr Arg Ser Leu Gly Ser Gly Pro Pro Leu
260 265 270

Arg Thr Ala Gln Tyr Asn Ser Lys Trp Leu Asn Glu Pro Asn Phe Val
275 280 285

Ala Ala Tyr Asp Ile Gly Leu Phe Ala Tyr Phe Phe Leu Arg Glu Asn
290 295 300

Ala Val Glu His Asp Cys Gly Arg Thr Val Tyr Ser Arg Val Ala Arg
305 310 315 320

Val Cys Lys Asn Asp Val Gly Gly Arg Phe Leu Leu Glu Asp Thr Trp
325 330 335

Thr Thr Phe Met Lys Ala Arg Leu Asn Cys Ser Arg Pro Gly Glu Val
340 345 350

Pro Phe Tyr Tyr Asn Glu Leu Gln Ser Ala Phe His Leu Pro Glu Gln
355 360 365

Asp Leu Ile Tyr Gly Val Phe Thr Thr Asn Val Asn Ser Ile Ala Ala
370 375 380

Ser Ala Val Cys Ala Phe Asn Leu Ser Ala Ile Ser Gln Ala Phe Asn
385 390 395 400

Gly Pro Phe Arg Tyr Gln Glu Asn Pro Arg Ala Ala Trp Leu Pro Ile
405 410 415

Asn Pro Ile Pro Asn Phe Gln Cys Gly Thr Leu Pro Glu Thr Gly
420 425 430

Pro Asn Glu Asn Leu Thr Glu Arg Ser Leu Gln Asp Ala Gln Arg Leu
435 440 445

Phe Leu Met Ser Glu Ala Val Gln Pro Val Thr Pro Glu Pro Cys Val
450 455 460

Thr Gln Asp Ser Val Arg Phe Ser His Leu Val Val Asp Leu Val Gln
465 470 475 480

Ala Lys Asp Thr Leu Tyr His Val Leu Tyr Ile Gly Thr Glu Ser Gly
485 490 495

Thr Ile Leu Lys Ala Leu Ser Thr Ala Ser Arg Ser Leu His Gly Cys
500 505 510

08.10.04

XPs.ST25.txt

Tyr Leu Glu Glu Leu His Val Leu Pro Pro Gly Arg Arg Glu Pro Leu
515 520 525

Arg Ser Leu Arg Ile Leu His Ser Ala Arg Ala Leu Phe Val Gly Leu
530 535 540

Arg Asp Gly Val Leu Arg Val Pro Leu Glu Arg Cys Ala Ala Tyr Arg
545 550 555 560

Ser Gln Gly Ala Cys Leu Gly Ala Arg Asp Pro Tyr Cys Gly Trp Asp
565 570 575

Gly Lys Gln Gln Arg Cys Ser Thr Leu Glu Asp Ser Ser Asn Met Ser
580 585 590

Leu Trp Thr Gln Asn Ile Thr Ala Cys Pro Val Arg Asn Val Thr Arg
595 600 605

Asp Gly Gly Phe Gly Pro Trp Ser Pro Trp Gln Pro Cys Glu His Leu
610 615 620

Asp Gly Asp Asn Ser Gly Ser Cys Leu Cys Arg Ala Arg Ser Cys Asp
625 630 635 640

Ser Pro Arg Pro Arg Cys Gly Gly Leu Asp Cys Leu Gly Pro Ala Ile
645 650 655

His Ile Ala Asn Cys Ser Arg Asn Gly Ala Trp Thr Pro Trp Ser Ser
660 665 670

Trp Ala Leu Cys Ser Thr Ser Cys Gly Ile Gly Phe Gln Val Arg Gln
675 680 685

Ser Cys Ser Asn Pro Ala Pro Arg His Gly Gly Arg Ile Cys Val
690 695 700

Gly Lys Ser Arg Glu Glu Arg Phe Cys Asn Glu Asn Thr Pro Cys Pro
705 710 715 720

Val Pro Ile Phe Trp Ala Ser Trp Gly Ser Trp Ser Lys Cys Ser Ser
725 730 735

Asn Cys Gly Gly Gly Met Gln Ser Arg Arg Arg Ala Cys Glu Asn Gly
740 745 750

Asn Ser Cys Leu Gly Cys Gly Val Glu Phe Lys Thr Cys Asn Pro Glu
755 760 765

Gly Cys Pro Glu Val Arg Arg Asn Thr Pro Trp Thr Pro Trp Leu Pro
770 775 780

06.10.04

XPs.ST25.txt

Val Asn Val Thr Gln Gly Gly Ala Arg Gln Glu Gln Arg Phe Arg Phe
785 790 795 800

Thr Cys Arg Ala Pro Leu Ala Asp Pro His Gly Leu Gln Phe Gly Arg
805 810 815

Arg Arg Thr Glu Thr Arg Thr Cys Pro Ala Asp Gly Ser Gly Ser Cys
820 825 830

Asp Thr Asp Ala Leu Val Glu Val Leu Leu Arg Ser Gly Ser Thr Ser
835 840 845

Pro His Thr Val Ser Gly Gly Trp Ala Ala Trp Gly Pro Trp Ser Ser
850 855 860

Cys Ser Arg Asp Cys Glu Leu Gly Phe Arg Val Arg Lys Arg Thr Cys
865 870 875 880

Thr Asn Pro Glu Pro Arg Asn Gly Gly Leu Pro Cys Val Gly Asp Ala
885 890 895

Ala Glu Tyr Gln Asp Cys Asn Pro Gln Ala Cys Pro Val Arg Gly Ala
900 905 910

Trp Ser Cys Trp Thr Ser Trp Ser Pro Cys Ser Ala Ser Cys Gly Gly
915 920 925

Gly His Tyr Gln Arg Thr Arg Ser Cys Thr Ser Pro Ala Pro Ser Pro
930 935 940

Gly Glu Asp Ile Cys Leu Gly Leu His Thr Glu Glu Ala Leu Cys Ala
945 950 955 960

Gln Ala Cys Pro Glu Gly Trp Ser Pro Trp Ser Glu Trp Ser Lys
965 970 975

Cys Thr Asp Asp Gly Ala Gln Ser Arg Ser Arg His Cys Glu Glu Leu
980 985 990

Leu Pro Gly Ser Ser Ala Cys Ala Gly Asn Ser Ser Gln Ser Arg Pro
995 1000 1005

Cys Pro Tyr Ser Glu Ile Pro Val Ile Leu Pro Ala Ser Ser Met
1010 1015 1020

Glu Glu Ala Thr Asp Cys Ala Gly Phe Asn Leu Ile His Leu Val
1025 1030 1035

Ala Thr Gly Ile Ser Cys Phe Leu Gly Ser Gly Leu Leu Thr Leu
1040 1045 1050

05.10.04

XPs.ST25.txt

Ala Val Tyr Leu Ser Cys Gln His Cys Gln Arg Gln Ser Gln Glu
1055 1060 1065

Ser Thr Leu Val His Pro Ala Thr Pro Asn His Leu His Tyr Lys
1070 1075 1080

Gly Gly Gly Thr Pro Lys Asn Glu Lys Tyr Thr Pro Met Glu Phe
1085 1090 1095

Lys Thr Leu Asn Lys Asn Asn Leu Ile Pro Asp Asp Arg Ala Asn
1100 1105 1110

Phe Tyr Pro Leu Gln Gln Thr Asn Val Tyr Thr Thr Thr Tyr Tyr
1115 1120 1125

Pro Ser Pro Leu Asn Lys His Ser Phe Arg Pro Glu Ala Ser Pro
1130 1135 1140

Gly Gln Arg Cys Phe Pro Asn Ser
1145 1150

<210> 95
<211> 1637
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (206)..(604)
<223>

<400> 95
gaaaaataaaa taaatggcat agactggaaa gattcatagt tggcacaatt atgtatatat 60

aaaatcctca ggaatgtaca ctttacatac tagaatttaa aagtaagttt agcaactgtg 120

agttcgtt ttcattgctgc tgataaagac atacctgaga ctggacaatt tacaaaagaa 180

tttattg gacctatagt tccac atg tct ggg gag gcc tca caa tca tgg 232
Met Ser Gly Glu Ala Ser Gln Ser Trp
1 5

cgg cag gca agg agg ggc aag tca cat ctt atg tgg atg gca aca ggc 280
Arg Gln Ala Arg Arg Gly Lys Ser His Leu Met Trp Met Ala Thr Gly
10 15 20 25

aaa gag aga gct tgt gca ggg aaa ctc ctg ttt tta aaa cca cca gat 328
Lys Glu Arg Ala Cys Ala Gly Lys Leu Leu Phe Leu Lys Pro Pro Asp
30 35 40

ctc atg aca ccc att cac tgt cag gag aac agc atg gga aag acc cac 376
Leu Met Thr Pro Ile His Cys Gln Glu Asn Ser Met Gly Lys Thr His
45 50 55

ccc cat gat tca att gtc tcc cac aag gcc cct ccc ata cca cat ggg 424
Pro His Asp Ser Ile Val Ser His Lys Ala Pro Pro Ile Pro His Gly
60 65 70

aat tat ggg agc tac aag atg aga ttt ggg tgg gga cac aga gcc aaa 472
Asn Tyr Gly Ser Tyr Lys Met Arg Phe Gly Trp Gly His Arg Ala Lys
Seite 136

05.10.04

XP5.ST25.txt
85

75	cca cat cag caa cat gtc aga aca cag aaa aaa tgt aaa ata tca ctg	520
	Pro His Gln Gln His Val Arg Thr Gln Lys Lys Cys Lys Ile Ser Leu	
90		105
	tat ttc tat gta cta gta gtg aac tgt ctc cta gct tgt ttg ttt aaa	568
	Tyr Phe Tyr Val Leu Val Val Asn Cys Leu Leu Ala Cys Leu Phe Lys	
		120
	aaa aaa aat ccc atg gtc ttc aat ttg gtc att taa aaataatcta	614
	Lys Lys Asn Pro Met Val Phe Asn Leu Val Ile	
		130
	caagggtatac tgtttttctg ttcttggtat ttcctaactt ttaagggttc tatttttcca	674
	ccctgtagat cttgttctca ctagagaata atttctacat tatgcccagg ttcttctgag	734
	ctatgaagg gcccagattt aagggtctatt tttagacccc taaatgtgct gagacaagtc	794
	attaagggtg tcttgccagg acacagccat ctaaagcagc aatctgcttc ttgccagaaa	854
	tctcgtgcc tctgcagagc cttttccaga atgaaccaca ccatgctgag gtagggtaga	914
	ggggcagta caccaatagg cctgggtatt ctagaacaat aggcctagaa cttctcatca	974
	gctcctgttt cttttcatct ctaggaaagg agaaagagac tacctactgc atttctgtca	1034
	ctcgctgaaa aggacactct gtcagaaaat cttctagcaa acttcaaagg gcaaaatcac	1094
	cccttggtac tgataaagcc cagagagctt cagcagctaa cattccctgg acagggcaca	1154
	gcaaggattt gaacctaggt cagtctggcc agaaccacca caagctttcc ttaactcagt	1214
	gtgctatctc cccacgacta ggtcactact gctttataat cacctttgta gccaccagt	1274
	gattttgctc atcagtatctt tttaggcaat tgatacttta gatattcagc tgcaagacgt	1334
	atgcagtttt cattgacatc ttttggagaa actgacaaac ctggacttga cttaatgcct	1394
	ttggaacctt ccaagatggt atataactct agatagaagg ctgggcctcc atgatgtcag	1454
	gaatgttgca ttcttatttc cccatagata aaccatttg tccacaaagt caaggagtca	1514
	ccagaggcc cttgccatgg ggcttttttag gataaagcaa caagcctgga ctttgctcta	1574
	ccagggtt ttgcataggg agtggtatga ccagatccct caagaaagaa agcttagaga	1634
	cca	1637

<210> 96
<211> 132
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 96

Met Ser Gly Glu Ala Ser Gln Ser Trp Arg Gln Ala Arg Arg Gly Lys
1 5 10 15

Ser His Leu Met Trp Met Ala Thr Gly Lys Glu Arg Ala Cys Ala Gly
20 25 30

Lys Leu Leu Phe Leu Lys Pro Pro Asp Leu Met Thr Pro Ile His Cys
35 40 45

05.10.04

XP5.ST25.txt

Gln Glu Asn Ser Met Gly Lys Thr His Pro His Asp Ser Ile Val Ser
50 55 60

His Lys Ala Pro Pro Ile Pro His Gly Asn Tyr Gly Ser Tyr Lys Met
65 70 75 80

Arg Phe Gly Trp Gly His Arg Ala Lys Pro His Gln Gln His Val Arg
85 90 95

Thr Gln Lys Lys Cys Lys Ile Ser Leu Tyr Phe Tyr Val Leu Val Val
100 105 110

Asn Cys Leu Leu Ala Cys Leu Phe Lys Lys Lys Asn Pro Met Val Phe
115 120 125

Asn Leu Val Ile
130

<210> 97
<211> 1155
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1155)
<223>

<400> 97
atg cag tct ctc atc tcg ccg gtg acc aag gcg atc ctg gtg gcc ctc 48
Met Gln Ser Leu Ile Ser Pro Val Thr Lys Ala Ile Leu Val Ala Leu
1 5 10 15

ttc atc ttc gcc atc ctc ctc atc ctc tac gtg atc ctc tgg gac gca 96
Phe Ile Phe Ala Ile Leu Leu Ile Leu Tyr Val Ile Leu Trp Asp Ala
20 25 30

ggg aga gcg ggt gag tgc gct cgt gcg ggc gct ttg ggg ggc cac 144
Gly Arg Ala Gly Glu Cys Ala Arg Ala Gly Ala Leu Gly Gly His
35 40 45

ggt tgg gga gcc cca act tcg ggg agg acg cgg aat ccg gac gcg gga 192
Gly Trp Gly Ala Pro Thr Ser Gly Arg Thr Arg Asn Pro Asp Ala Gly
50 55 60

ctg aac ccg agg att cac gga gcc ccg ggc tcc cct atg ggg cac ggg 240
Leu Asn Pro Arg Ile His Gly Ala Arg Gly Ser Pro Met Gly His Gly
65 70 75 80

aag cgg cag atg cgc gtg cag aga ggt ccg tcc cac cca ccc cct ggg 288
Lys Arg Gln Met Arg Val Gln Arg Gly Pro Ser His Pro Pro Pro Gly
85 90 95

cgc ctt ggg tcc aag gcg cat agg cgc tcc cgc ctg tgg ccg cca ccg 336
Arg Leu Gly Ser Lys Ala His Arg Arg Ser Arg Leu Trp Pro Pro Pro
100 105 110

gtg cag cag aac gcg ggc tct ccg gtg ggt cca atg cgc tat ggc aca 384
Val Gln Gln Asn Ala Gly Ser Arg Val Gly Pro Met Arg Tyr Gly Thr
115 120 125

05.10.04

XPs.ST25.txt

cca ggc gct atc ggg tcc cta gcc ctc tgc tcc ggc ggt ggg gac ccc Pro Gly Ala Ile Gly Ser Leu Ala Leu Cys Ser Gly Gly Gly Asp Pro 130 135 140	432
gca ctc aag ttc cct ata acc tcc atg gac aaa cac gga aaa atc atg Ala Leu Lys Phe Pro Ile Thr Ser Met Asp Lys His Gly Lys Ile Met 145 150 155 160	480
tct tgg aag aac agc atc gcc cta cag ata cag act agg cac ttt gca Ser Trp Lys Asn Ser Ile Ala Leu Gln Ile Gln Thr Arg His Phe Ala 165 170 175	528
cat gaa aca aga gtc cca gaa att tct aga agc aaa tct cgc att cgt His Glu Thr Arg Val Pro Glu Ile Ser Arg Ser Lys Ser Arg Ile Arg 180 185 190	576
gac cgc cag acc tac ggg atg tac cac ttt ggg aat ttt gga gaa gaa Asp Arg Gln Thr Tyr Gly Met Tyr His Phe Gly Asn Phe Gly Glu Glu 195 200 205	624
aga ata aag gca gaa atg agg ata cag aaa gca tgt cac ttg aag atc Arg Ile Lys Ala Glu Met Arg Ile Gln Lys Ala Cys His Leu Lys Ile 210 215 220	672
aag aag tca agc ttg gat gcc aat ggt aaa gtg gat gat ggt gag gat Lys Lys Ser Ser Leu Asp Ala Asn Gly Lys Val Asp Asp Gly Glu Asp 225 230 235 240	720
gat gat ggt gag gat gat gat ggt gag gat gat gat ggt gat gat gat Asp Asp Gly Glu Asp Asp Asp Gly Glu Asp Asp Asp Gly Asp Asp Asp 245 250 255	768
ggt gag gat gat gat ggt gag gat gat gat ggt gag gat gat gat ggt Gly Glu Asp Asp Asp Gly Glu Asp Asp Asp Gly Glu Asp Asp Asp Gly 260 265 270	816
gag gat gat ggt gag gat gat gat ggt gat gat gat ggt gag gat gat Glu Asp Asp Gly Glu Asp Asp Asp Gly Asp Asp Asp Gly Glu Asp Asp 275 280 285	864
gat ggt gat gat gat ggt gat gat gat ggt gag gat gat gat ggt gag Asp Gly Asp Asp Asp Gly Asp Asp Asp Gly Glu Asp Asp Asp Gly Glu 290 295 300	912
gat gat ggt gac agt gag gat gat ggt gag gat ggt gat gat gat gat Asp Asp Gly Asp Ser Glu Asp Asp Gly Glu Asp Gly Asp Asp Asp Asp 305 310 315 320	960
ggt gag gat gat gat ggt gac agt gag gat gat ggc gat gat ggt gat Gly Glu Asp Asp Asp Gly Asp Ser Glu Asp Asp Gly Asp Asp Gly Asp 325 330 335	1008
gat gat ggt gag gat gat gat cat ggt gat gat gtg agg atg atg atg Asp Asp Gly Glu Asp Asp Asp His Gly Asp Asp Val Arg Met Met Met 340 345 350	1056
atg atg gtg atg aca gtg acg atg atg aag aat gtt gtt ggt aat tac Met Met Val Met Thr Val Thr Met Met Lys Asn Val Val Gly Asn Tyr 355 360 365	1104
aga ctt cct gag cta cca act tgg aca tct gta caa cga tac aaa ttt Arg Leu Pro Glu Leu Pro Thr Trp Thr Ser Val Gln Arg Tyr Lys Phe 370 375 380	1152
tga	1155

05.10.04

XP.S.T25.txt

<210> 98
<211> 384
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 98

Met Gln Ser Leu Ile Ser Pro Val Thr Lys Ala Ile Leu Val Ala Leu
1 5 10 15

Phe Ile Phe Ala Ile Leu Leu Ile Leu Tyr Val Ile Leu Trp Asp Ala
20 25 30

Pro Gly Arg Ala Gly Glu Cys Ala Arg Ala Gly Ala Leu Gly Gly His
35 40 45

Gly Trp Gly Ala Pro Thr Ser Gly Arg Thr Arg Asn Pro Asp Ala Gly
50 55 60

Ile Asn Pro Arg Ile His Gly Ala Arg Gly Ser Pro Met Gly His Gly
65 70 75 80

Lys Arg Gln Met Arg Val Gln Arg Gly Pro Ser His Pro Pro Pro Gly
85 90 95

Arg Leu Gly Ser Lys Ala His Arg Arg Ser Arg Leu Trp Pro Pro Pro
100 105 110

Val Gln Gln Asn Ala Gly Ser Arg Val Gly Pro Met Arg Tyr Gly Thr
115 120 125

Pro Gly Ala Ile Gly Ser Leu Ala Leu Cys Ser Gly Gly Gly Asp Pro
130 135 140

Ala Leu Lys Phe Pro Ile Thr Ser Met Asp Lys His Gly Lys Ile Met
145 150 155 160

Trp Lys Asn Ser Ile Ala Leu Gln Ile Gln Thr Arg His Phe Ala
165 170 175

His Glu Thr Arg Val Pro Glu Ile Ser Arg Ser Lys Ser Arg Ile Arg
180 185 190

Asp Arg Gln Thr Tyr Gly Met Tyr His Phe Gly Asn Phe Gly Glu Glu
195 200 205

Arg Ile Lys Ala Glu Met Arg Ile Gln Lys Ala Cys His Leu Lys Ile
210 215 220

Lys Lys Ser Ser Leu Asp Ala Asn Gly Lys Val Asp Asp Gly Glu Asp
225 230 235 240

Asp Asp Gly Glu Asp Asp Asp Gly Glu Asp Asp Asp Gly Asp Asp Asp
Seite 140

06.10.04

XPs.ST25.txt
250

245

255

Gly Glu Asp Asp Gly Glu Asp Asp Gly Glu Asp Asp Asp Gly
260 265 270

Glu Asp Asp Gly Glu Asp Asp Asp Gly Asp Asp Asp Gly Glu Asp Asp
275 280 285

Asp Gly Asp Asp Asp Gly Asp Asp Asp Gly Glu Asp Asp Asp Gly Glu
290 295 300

Asp Asp Asp Gly Asp Ser Glu Asp Asp Gly Glu Asp Gly Asp Asp Asp
305 310 315 320

Gly Glu Asp Asp Asp Gly Asp Ser Glu Asp Asp Gly Asp Asp Gly Asp
325 330 335

Asp Asp Gly Glu Asp Asp Asp His Gly Asp Asp Val Arg Met Met Met
340 345 350

Met Met Val Met Thr Val Thr Met Met Lys Asn Val Val Gly Asn Tyr
355 360 365

Arg Leu Pro Glu Leu Pro Thr Trp Thr Ser Val Gln Arg Tyr Lys Phe
370 375 380

<210> 99
<211> 4384
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (380)..(3754)
<223>

<220> 99
cagacgc ataactgtgc attgttcttt gggattttga gagccttcat ctcaatttca 60
acttttaaagc agcttaatat ttaaggaaca tatctctgat ctgggtaatt tgtagaactt 120
aatttgaggg tcattacatg tgaggatagc aggagttgaa gatgccaagg acctgaaggg 180
ctactggagg gacaggtgaa gtgatttgaa gatgtagcat tttgaatctc tttctggccc 240
atcctctgct tcacaccaga atcatttgta cctgtagacc tgcaaaacaa aggaccaaag 300
gttagcatgc agaagtgaaa gtgtcaataa taaccaaacc actccatcaa gttagggtctg 360
gggaaaagca gcagcaaaa atg agt tct tac ttc tgg gca caa aat gaa agt 412
Met Ser Ser Tyr Phe Trp Ala Gln Asn Glu Ser 10
aac aga cct gat tta ctc tgc ggg cag cca gct gac tac ctt gtt gaa 460
Asn Arg Pro Asp Leu Leu Cys Gly Gln Pro Ala Asp Tyr Leu Val Glu 15 20 25
gag aaa cat ttc aca acg ctt gta tgc ttc att gtt gtt ttg gga ggg 508
Glu Lys His Phe Thr Thr Leu Val Cys Phe Ile Val Val Leu Gly Gly

05.10.04

XPs.ST25.txt

30	35	40	
ctt ttg aag atg tgt tta aag aat tgt gaa gtc att gtt ttg acg att Leu Leu Lys Met Cys Leu Lys Asn Cys Glu Val Ile Val Leu Thr Ile 45 50 55			556
ctt tct cta tca gga ttc gtg ata gga cac atg gcc tac aat tct gtt Leu Ser Leu Ser Gly Phe Val Ile Gly His Met Ala Tyr Asn Ser Val 60 65 70 75			604
gag gtg cac caa att gtc tac cct ctt cta aga aca tca agt ttt tca Glu Val His Gln Ile Val Tyr Pro Leu Leu Arg Thr Ser Ser Phe Ser 80 85 90			652
ctt tat tct tac ttt tca cct tta att ata ttt atg gtt gct ttg gat Leu Tyr Ser Tyr Phe Ser Pro Leu Ile Ile Phe Met Val Ala Leu Asp 95 100 105			700
gta gaa ttt tat aca ctc aag aaa atg ttt tgg cag gtc ttg tta act Val Glu Phe Tyr Thr Leu Lys Lys Met Phe Trp Gln Val Leu Leu Thr 110 115 120			748
gga tta att agc ttt tct aca gca agc atc ata att gga tat gtc gtt Gly Leu Ile Ser Phe Ser Thr Ala Ser Ile Ile Ile Gly Tyr Val Val 125 130 135			796
ata aaa ttc aat aaa gat tca tgg gat ttg caa tct tgc cta ctc ttt Ile Lys Phe Asn Lys Asp Ser Trp Asp Leu Gln Ser Cys Leu Leu Phe 140 145 150 155			844
agc atc acc ctt ggc att ata gat cct ctt cgt tct gtg aat tca cta Ser Ile Thr Leu Gly Ile Ile Asp Pro Leu Arg Ser Val Asn Ser Leu 160 165 170			892
aaa act att ggc att tct aaa ata tac att gat ctc att aga gga gaa Lys Thr Ile Gly Ile Ser Lys Ile Tyr Ile Asp Leu Ile Arg Gly Glu 175 180 185			940
tca ttg atc att tgt agc atc gca tca att ttt ttt gga aat ttt cgg Ser Leu Ile Ile Cys Ser Ile Ala Ser Ile Phe Phe Gly Asn Phe Arg 190 195 200			988
ggc aac aga atc cac ttt tct att ttt aga gat tta cat gta ggc att Gly Asn Arg Ile His Phe Ser Ile Phe Arg Asp Leu His Val Gly Ile 205 210 215			1036
ctc agc tat gac att ttg gga agc ata ata ttt gga tat tgg tgt Leu Ser Tyr Asp Ile Leu Gly Ser Ile Ile Phe Gly Tyr Trp Cys 220 225 230 235			1084
gca aaa atc att cag tgt ata ttg gct gac gtt ttt agc aat atg ctg Ala Lys Ile Ile Gln Cys Ile Leu Ala Asp Val Phe Ser Asn Met Leu 240 245 250			1132
act aat atc att ctc tgc ttt tca atg gtg tac atg act ttc tat att Thr Asn Ile Ile Leu Cys Phe Ser Met Val Tyr Met Thr Phe Tyr Ile 255 260 265			1180
gtg gaa ttt tta gga atg tca ggc act ctt gcc tta gcc gct gta gga Val Glu Phe Leu Gly Met Ser Gly Thr Leu Ala Leu Ala Val Gly 270 275 280			1228
ctg aat tta gat tct tta act ttt aaa ccg aag atc gaa ctt gta att Leu Asn Leu Asp Ser Leu Thr Phe Lys Pro Lys Ile Glu Leu Val Ile 285 290 295			1276
act aag ttc tta aga att ttt tca tct gta tat gaa cat tta ata tat Thr Lys Phe Leu Arg Ile Phe Ser Ser Val Tyr Glu His Leu Ile Tyr 300 305 310 315 320			1324

05.10.04

XPs.ST25.txt
310

300	305	310	315	
gct ttc ttt ggc att gtg att gga tgt gga gaa ctc agc cac tat gaa Ala Phe Phe Gly Ile Val Ile Gly Cys Gly Glu Leu Ser His Tyr Glu 320 325 330				1372
ttt cac act ata cct ttc ata ttc att tta ttt aca aca gtg aat ttg Phe His Thr Ile Pro Phe Ile Phe Ile Leu Phe Thr Thr Val Asn Leu 335 340 345				1420
gta agg ttg ctt act att ttg tta gtg agc cct att ttg atg cat tca Val Arg Leu Leu Thr Ile Leu Leu Val Ser Pro Ile Leu Met His Ser 350 355 360				1468
aat tat gaa tat aat tgg cga tgg gga gtt gta atc acg tgg tct gga Asn Tyr Glu Tyr Asn Trp Arg Trp Gly Val Val Ile Thr Trp Ser Gly 365 370 375				1516
att aaa gga gtt ttt aat tta ctc tgg gct cct gat gtt tat aat ctc Ile Lys Gly Val Phe Asn Leu Leu Trp Ala Pro Asp Val Tyr Asn Leu 380 385 390				1564
gct gaa cga aaa gtg gaa gta cca caa atg ttt ata ctc tat gta caa Val Glu Arg Lys Val Glu Val Pro Gln Met Phe Ile Leu Tyr Val Gln 400 405 410				1612
gta ata tca tta ttg aca atg gga ata aat tca tac gtg atg act cag Val Ile Ser Leu Leu Thr Met Gly Ile Asn Ser Tyr Val Met Thr Gln 415 420 425				1660
tca gcc agg aag tta gat ttg tgt gtt ctt tcc ctc cca aga caa atg Ser Ala Arg Lys Leu Asp Leu Cys Val Leu Ser Leu Pro Arg Gln Met 430 435 440				1708
atc ttg caa aat gcc act cag cac ata cag gag ata gta cag aac aca Ile Leu Gln Asn Ala Thr Gln His Ile Gln Glu Ile Val Gln Asn Thr 445 450 455				1756
ata act tta ttt aaa aca gaa aaa att ttg aca aat gtt aac tgg acc Ile Thr Leu Phe Lys Thr Glu Lys Ile Leu Thr Asn Val Asn Trp Thr 460 465 470 475				1804
tta gta gaa gat aaa acg agg atc gaa tac att cct ttt tcc cac gtt Leu Val Glu Asp Lys Thr Arg Ile Glu Tyr Ile Pro Phe Ser His Val 480 485 490				1852
cat aat gat atg aag aca gaa tcc aca aca gat gaa gct tta atg His Asn Asp Met Lys Thr Glu Ser Thr Thr Asp Glu Ala Leu Met 495 500 505				1900
gag gaa gcc aga ttg cat gta gct gca ata caa atg agt agc ttt gaa Glu Glu Ala Arg Leu His Val Ala Ala Ile Gln Met Ser Ser Phe Glu 510 515 520				1948
aaa cag cgt aac aat gga att ctt gaa ata gag gca gcc cgg ata tta Lys Gln Arg Asn Asn Gly Ile Leu Glu Ile Glu Ala Ala Arg Ile Leu 525 530 535				1996
att ggt gca gca aaa tgc tat tac tcc atc caa gga aaa ttc atg agt Ile Gly Ala Ala Lys Cys Tyr Tyr Ser Ile Gln Gly Lys Phe Met Ser 540 545 550 555				2044
att tat gat gtt tca act tat atg aga act aga agt tgg ctt ata aag Ile Tyr Asp Val Ser Thr Tyr Met Arg Thr Arg Ser Trp Leu Ile Lys 560 565 570				2092
ttt aaa aat gtt tta act ttc ttg gaa tat tgt ata gaa aag ata cat Phe Lys Asn Val Leu Thr Phe Leu Glu Tyr Cys Ile Glu Lys Ile His				2140

05.10.04

XPs.ST25.txt

575										580					585					
ttt	att	cca	cct	gag	agt	aat	aca	ttt	ctg	act	ttt	ata	ttt	cac	ata	2188				
Phe	Ile	Pro	Pro	Glu	Ser	Asn	Thr	Phe	Leu	Thr	Phe	Ile	Phe	His	Ile					
		590					595					600								
gta	ttt	tct	gaa	gaa	ttt	gaa	tat	aca	gga	cag	att	ata	aat	ttg	ata	2236				
Val	Phe	Ser	Glu	Glu	Phe	Glu	Tyr	Thr	Gly	Gln	Ile	Ile	Asn	Leu	Ile					
	605					610					615									
tat	att	tat	cct	atg	ata	ata	cat	ctg	tgg	cca	atg	gca	aga	ggt	tta	2284				
Tyr	Ile	Tyr	Pro	Met	Ile	Ile	His	Leu	Trp	Pro	Met	Ala	Arg	Gly	Leu					
					625					630					635					
aat	gta	tca	gca	ctg	ata	tca	ata	aac	tac	tat	ttt	atg	ttt	tta	tat	2332				
Asn	Val	Ser	Ala	Leu	Ile	Ser	Ile	Asn	Tyr	Tyr	Phe	Met	Phe	Leu	Tyr					
				640					645					650						
gta	tta	gaa	tca	aca	ttg	aag	ata	ata	att	ttg	aaa	agg	aaa	tat	ttt	2380				
Val	Leu	Glu	Ser	Thr	Leu	Lys	Ile	Ile	Ile	Leu	Lys	Arg	Lys	Tyr	Phe					
			655					660					665							
caa	caa	tgt	tgg	aat	act	ttg	gaa	ttt	ttt	atc	ctg	gtt	att	gga	atc	2428				
Gln	Gln	Cys	Trp	Asn	Thr	Leu	Glu	Phe	Phe	Ile	Leu	Val	Ile	Gly	Ile					
		670					675					680								
att	gat	atc	ttt	tgt	gta	tac	ttt	gtg	aaa	ttg	aga	cca	gac	aac	ttg	2476				
Ile	Asp	Ile	Phe	Cys	Val	Tyr	Phe	Val	Lys	Leu	Arg	Pro	Asp	Asn	Leu					
	685					690					695									
gct	ctt	ata	cag	ctt	aca	gta	ata	atg	gga	tat	tta	aga	ata	att	agg	2524				
Ala	Leu	Ile	Gln	Leu	Thr	Val	Ile	Met	Gly	Tyr	Leu	Arg	Ile	Ile	Arg					
	700				705					710					715					
ttt	ctt	cct	ctc	ttc	aag	ata	ata	gta	cca	ata	ctg	ata	aga	att	gca	2572				
Phe	Leu	Pro	Leu	Phe	Lys	Ile	Ile	Val	Pro	Ile	Leu	Ile	Arg	Ile	Ala					
				720					725					730						
gat	gtg	cag	atc	aaa	aag	cgc	ctc	agc	ttg	atg	tat	agt	att	aca	aaa	2620				
Asp	Val	Gln	Ile	Lys	Lys	Arg	Leu	Ser	Leu	Met	Tyr	Ser	Ile	Thr	Lys					
			735					740					745							
ggc	tat	atc	aaa	agt	caa	gaa	gat	gcc	aaa	ctt	cta	ata	aaa	caa	ata	2668				
Gly	Tyr	Ile	Lys	Ser	Gln	Glu	Asp	Ala	Lys	Leu	Leu	Ile	Lys	Gln	Ile					
		750					755					760								
gta	gtc	tgt	gaa	tca	ata	tat	cag	aaa	cta	tgt	gaa	att	ttg	gaa	acc	2716				
Val	Val	Cys	Glu	Ser	Ile	Tyr	Gln	Lys	Leu	Cys	Glu	Ile	Leu	Glu	Thr					
	765					770					775									
aac	aaa	cag	gat	gct	gtc	aaa	gaa	tta	gta	ctc	atg	gag	cat	gag	ggt	2764				
Asn	Lys	Gln	Asp	Ala	Val	Lys	Glu	Leu	Val	Leu	Met	Glu	His	Glu	Gly					
				785						790					795					
cgt	gat	gtt	gtc	att	gct	ttg	aag	act	aaa	cag	gca	atc	cgg	aat	gtg	2812				
Arg	Asp	Val	Val	Ile	Ala	Leu	Lys	Thr	Lys	Gln	Ala	Ile	Arg	Asn	Val					
				800					805					810						
att	gct	aaa	gct	cta	aaa	aat	ctc	acc	ttc	ctt	tgt	tca	aga	ggc	att	2860				
Ile	Ala	Lys	Ala	Leu	Lys	Asn	Leu	Thr	Phe	Leu	Cys	Ser	Arg	Gly	Ile					
			815					820					825							
att	gat	aag	cat	gaa	gtc	att	gag	ata	aat	aag	gta	ctt	ctt	aaa	aaa	2908				
Ile	Asp	Lys	His	Glu	Val	Ile	Glu	Ile	Asn	Lys	Val	Leu	Leu	Lys	Lys					
		830					835					840								
tta	aaa	gca	cta	aat	aac	ttt	cca	aag	gca	atc	cca	ccc	cca	act	cct	2956				
Leu	Lys	Ala	Leu	Asn	Asn	Phe	Pro	Lys	Ala	Ile	Pro	Pro	Pro	Thr	Pro					

08.10.04

XPs.ST25.txt
855

845	850		
gac Asp 860	ata Ile	tac Tyr	ctt Leu
cac His	aac Asn 865	atc Ile	att Ile
tgg Trp	ctg Leu	gaa Glu 870	ggt Gly
aaa Lys	gat Asp	ggt Val	ctc Leu 875
3004			
att Ile	gac Asp	ttc Phe	ttc Phe
aag Lys 880	gaa Glu	aga Arg	gcc Ala
aaa Lys	ctt Leu 885	gcc Ala	tgt Cys
ttt Phe	gac Asp	tct Ser 890	gga Gly
3052			
gat Asp	acc Thr	att Ile	tgt Cys
aaa Lys	gga Gly	ggt Gly	gaa Glu
atg Met 900	cca Pro	caa Gln	gga Gly
atc Ile	tac Tyr 905	tta Leu	att Ile
3100			
att Ile	tca Ser	gga Gly 910	atg Met
gca Ala	att Ile	ttg Leu	cat His 915
agt Ser	tta Leu	tct Ser	cct Pro
acc Thr 920	ttt Phe	gga Gly	ata Ile
3148			
gag Glu	agt Ser 925	aat Asn	caa Gln
agg Arg	tgt Cys	gat Asp 930	aga Arg
ggg Gly	tcc Ser	aga Arg	gac Asp 935
atg Met	ttt Phe	aca Thr	gag Glu
3196			
ttc Phe 940	tgt Cys	act Thr	act Thr
ggg Gly	gac Asp 945	ata Ile	att Ile
gga Gly	gag Glu	cta Leu 950	agc Ser
tgt Cys	ctg Leu	ctt Leu	aag Lys 955
3244			
cgt Arg	gaa Glu	att Ile	gaa Glu
tat Tyr 960	acc Thr	gtc Val	atc Ile
tgt Cys	gaa Glu	act Thr	agt Ser
ttt Phe	gga Gly	gag Glu	gac Asp
3292			
ttt Phe	atc Ile	tcc Ser	ctg Leu
gag Glu	gat Asp	tta Leu	tat Tyr
gaa Glu	ggc Gly	ttt Phe	gat Asp
gac Ala	ttc Phe	tgg Trp	cca Pro
3340			
tct Ser	ctg Leu	gaa Glu	tat Tyr
aaa Lys	ata Ile	tgg Trp	cta Leu
aag Lys	ctt Leu	gct Ala	ctc Leu
agt Ser	act Thr	gcc Ala	tat Tyr
3388			
cag Gln	tat Tyr 1005	ttt Phe	gaa Glu
tca Ser	agt Ser	ctt Leu 1010	att Ile
gat Asp	gag Glu	gac Asp	tta Leu 1015
agg Arg	ttt Phe	cag Gln	
3433			
aac Asn	tgt Cys 1020	gtg Val	atg Met
ttc Phe	aat Asn	caa Gln 1025	gca Ala
tat Tyr	gtg Val	gaa Glu	act Thr 1030
ttt Phe	tca Ser	agc Ser	
3478			
agt Ser 1035	gac Asp	atg Met	att Ile
att Ile	gat Asp 1040	aat Asn	atg Met
acc Thr	atg Met	aaa Lys 1045	ttt Phe
ggt Val	atc Ile		
3523			
att Ile	gtg Val 1050	tat Tyr	ggc Gly
agt Ser	gta Val	att Ile 1055	gat Asp
act Thr	aag Lys	aca Thr	gag Glu 1060
gaa Glu	cca Pro	tat Tyr	
3568			
ttt Phe	gca Ala 1065	cct Pro	tgc Cys
att Ile	ata Ile	cct Pro 1070	aca Thr
acc Thr	tgt Cys	gag Glu	cag Gln 1075
ggt Val	cag Gln	gga Gly	
3613			
act Thr	tct Ser 1080	gat Asp	tta Leu
agc Ser	aag Lys	ctg Leu 1085	ctg Leu
ata Ile	atc Ile	caa Gln	gca Ala 1090
tct Ser	gag Glu	ctt Leu	
3658			
acc Thr	caa Gln 1095	aga Arg	aat Asn
agt Ser	aac Asn	acc Thr 1100	aat Asn
atg Met	gta Val	atg Met	gcc Ala
tca Ser 1105	gtc Val	aac Asn	acg Thr
3703			
gtc Val	ttt Phe	gaa Glu	caa Gln
cca Pro	gga Gly	aag Lys	aat Asn
ata Ile	aat Asn	gga Gly	aga Arg
caa Gln	aag Lys	atg Met	
3748			

06.10.04

XPs.ST25.txt

1110

1115

1120

agt tga aaactggata ccattttaga aaaggggtatt aatgatacaa atatgatgtg 3804
Ser

tggagtcagg ttaaagacca aactactttc ctcgctcaaa tactaaagga ttatctgcaa 3864
ggagtttact tagaagctac tgaaacaggt tactgctgca tttagtttat aagcaatgga 3924
tggacttctg taaaacttct taattttaag tagttgcatt atatttgga tgtaaaaaa 3984
gtcttcagga taatataaaa tacactgaaa catatgtcct accaaatgaa accctgtttc 4044
cagctaagag caaattttta catagtgcatt tataaaaagt gttgtataac tgatatgtta 4104
ctctctaaag catagaacct gtaattttca tttgtgaaat tggtataatt agtgcctccc 4164
taatattttc ccgagtatag ctattctccc cttcccagtt tggtaaatat tgaaaaacag 4224
aattatattc cacaatctta gtaactttca gtaagtaagt aacttttgct ttcagtgaaa 4284
tttaggagaa attaatattc tcatattgca tagtactgtt tgatgtcacc tttcatttta 4344
ttttaaaaa tcaaataaag ttgagtttta tggttgtcta 4384

<210> 100
<211> 1124
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 100

Met Ser Ser Tyr Phe Trp Ala Gln Asn Glu Ser Asn Arg Pro Asp Leu
1 5 10 15

Leu Cys Gly Gln Pro Ala Asp Tyr Leu Val Glu Glu Lys His Phe Thr
20 25 30

Thr Leu Val Cys Phe Ile Val Val Leu Gly Gly Leu Leu Lys Met Cys
35 40 45

Lys Asn Cys Glu Val Ile Val Leu Thr Ile Leu Ser Leu Ser Gly
50 55 60

Phe Val Ile Gly His Met Ala Tyr Asn Ser Val Glu Val His Gln Ile
65 70 75 80

Val Tyr Pro Leu Leu Arg Thr Ser Ser Phe Ser Leu Tyr Ser Tyr Phe
85 90 95

Ser Pro Leu Ile Ile Phe Met Val Ala Leu Asp Val Glu Phe Tyr Thr
100 105 110

Leu Lys Lys Met Phe Trp Gln Val Leu Leu Thr Gly Leu Ile Ser Phe
115 120 125

Ser Thr Ala Ser Ile Ile Ile Gly Tyr Val Val Ile Lys Phe Asn Lys
130 135 140

06.10.04

XPs.ST25.txt

Asp Ser Trp Asp Leu Gln Ser Cys Leu Leu Phe Ser Ile Thr Leu Gly
145 150 155 160

Ile Ile Asp Pro Leu Arg Ser Val Asn Ser Leu Lys Thr Ile Gly Ile
165 170 175

Ser Lys Ile Tyr Ile Asp Leu Ile Arg Gly Glu Ser Leu Ile Ile Cys
180 185 190

Ser Ile Ala Ser Ile Phe Phe Gly Asn Phe Arg Gly Asn Arg Ile His
195 200 205

Phe Ser Ile Phe Arg Asp Leu His Val Gly Ile Glu Leu Ser Tyr Asp
210 215 220

Ile Leu Gly Ser Ile Ile Phe Gly Tyr Trp Cys Ala Lys Ile Ile Gln
225 230 235 240

Cys Ile Leu Ala Asp Val Phe Ser Asn Met Leu Thr Asn Ile Ile Leu
245 250 255

Cys Phe Ser Met Val Tyr Met Thr Phe Tyr Ile Val Glu Phe Leu Gly
260 265 270

Met Ser Gly Thr Leu Ala Leu Ala Ala Val Gly Leu Asn Leu Asp Ser
275 280 285

Leu Thr Phe Lys Pro Lys Ile Glu Leu Val Ile Thr Lys Phe Leu Arg
290 295 300

Ile Phe Ser Ser Val Tyr Glu His Leu Ile Tyr Ala Phe Phe Gly Ile
305 310 315 320

Ile Gly Cys Gly Glu Leu Ser His Tyr Glu Phe His Thr Ile Pro
325 330 335

Phe Ile Phe Ile Leu Phe Thr Thr Val Asn Leu Val Arg Leu Leu Thr
340 345 350

Ile Leu Leu Val Ser Pro Ile Leu Met His Ser Asn Tyr Glu Tyr Asn
355 360 365

Trp Arg Trp Gly Val Val Ile Thr Trp Ser Gly Ile Lys Gly Val Phe
370 375 380

Asn Leu Leu Trp Ala Pro Asp Val Tyr Asn Leu Ala Glu Arg Lys Val
385 390 395 400

Glu Val Pro Gln Met Phe Ile Leu Tyr Val Gln Val Ile Ser Leu Leu
405 410 415

05.10.04

XP.s.ST25.txt

Thr Met Gly Ile Asn Ser Tyr Val Met Thr Gln Ser Ala Arg Lys Leu
420 425 430

Asp Leu Cys Val Leu Ser Leu Pro Arg Gln Met Ile Leu Gln Asn Ala
435 440 445

Thr Gln His Ile Gln Glu Ile Val Gln Asn Thr Ile Thr Leu Phe Lys
450 455 460

Thr Glu Lys Ile Leu Thr Asn Val Asn Trp Thr Leu Val Glu Asp Lys
465 470 475 480

Thr Arg Ile Glu Tyr Ile Pro Phe Ser His Val Ser His Asn Asp Met
485 490 495

Lys Thr Glu Ser Thr Thr Asp Glu Ala Leu Met Glu Glu Ala Arg Leu
500 505 510

His Val Ala Ala Ile Gln Met Ser Ser Phe Glu Lys Gln Arg Asn Asn
515 520 525

Gly Ile Leu Glu Ile Glu Ala Ala Arg Ile Leu Ile Gly Ala Ala Lys
530 535 540

Cys Tyr Tyr Ser Ile Gln Gly Lys Phe Met Ser Ile Tyr Asp Val Ser
545 550 555 560

Thr Tyr Met Arg Thr Arg Ser Trp Leu Ile Lys Phe Lys Asn Val Leu
565 570 575

Thr Phe Leu Glu Tyr Cys Ile Glu Lys Ile His Phe Ile Pro Pro Glu
580 585 590

Asn Thr Phe Leu Thr Phe Ile Phe His Ile Val Phe Ser Glu Glu
595 600 605

Phe Glu Tyr Thr Gly Gln Ile Ile Asn Leu Ile Tyr Ile Tyr Pro Met
610 615 620

Ile Ile His Leu Trp Pro Met Ala Arg Gly Leu Asn Val Ser Ala Leu
625 630 635 640

Ile Ser Ile Asn Tyr Tyr Phe Met Phe Leu Tyr Val Leu Glu Ser Thr
645 650 655

Leu Lys Ile Ile Ile Leu Lys Arg Lys Tyr Phe Gln Gln Cys Trp Asn
660 665 670

Thr Leu Glu Phe Phe Ile Leu Val Ile Gly Ile Ile Asp Ile Phe Cys
675 680 685

05.10.04

XPS.ST25.txt

Val Tyr Phe Val Lys Leu Arg Pro Asp Asn Leu Ala Leu Ile Gln Leu
690 695 700

Thr Val Ile Met Gly Tyr Leu Arg Ile Ile Arg Phe Leu Pro Leu Phe
705 710 715 720

Lys Ile Ile Val Pro Ile Leu Ile Arg Ile Ala Asp Val Gln Ile Lys
725 730 735

Lys Arg Leu Ser Leu Met Tyr Ser Ile Thr Lys Gly Tyr Ile Lys Ser
740 745 750

Gln Glu Asp Ala Lys Leu Leu Ile Lys Gln Ile Ala Val Cys Glu Ser
755 760 765

Ile Tyr Gln Lys Leu Cys Glu Ile Leu Glu Thr Asn Lys Gln Asp Ala
770 775 780

Val Lys Glu Leu Val Leu Met Glu His Glu Gly Arg Asp Val Val Ile
785 790 795 800

Ala Leu Lys Thr Lys Gln Ala Ile Arg Asn Val Ile Ala Lys Ala Leu
805 810 815

Lys Asn Leu Thr Phe Leu Cys Ser Arg Gly Ile Ile Asp Lys His Glu
820 825 830

Val Ile Glu Ile Asn Lys Val Leu Leu Lys Lys Leu Lys Ala Leu Asn
835 840 845

Asn Phe Pro Lys Ala Ile Pro Pro Pro Thr Pro Asp Ile Tyr Leu His
850 855 860

Ile Ile Trp Leu Glu Gly Lys Asp Val Leu Ile Asp Phe Phe Lys
870 875 880

Glu Arg Ala Lys Leu Ala Cys Phe Asp Ser Gly Asp Thr Ile Cys Lys
885 890 895

Gly Gly Glu Met Pro Gln Gly Ile Tyr Leu Ile Ile Ser Gly Met Ala
900 905 910

Ile Leu His Ser Leu Ser Pro Thr Phe Gly Ile Glu Ser Asn Gln Arg
915 920 925

Cys Asp Arg Gly Ser Arg Asp Met Phe Thr Glu Phe Cys Thr Thr Gly
930 935 940

Asp Ile Ile Gly Glu Leu Ser Cys Leu Leu Lys Arg Glu Ile Glu Tyr
945 950 955 960

05.10.04

XP.s.ST25.txt

Thr Val Ile Cys Glu Thr Ser Leu Gln Ala Cys Phe Ile Ser Leu Glu
965 970 975

Asp Leu Tyr Glu Gly Phe Asp Ala Phe Trp Pro Ser Leu Glu Tyr Lys
980 985 990

Ile Trp Leu Lys Leu Ala Leu Ser Thr Ala Tyr Gln Tyr Phe Glu Ser
995 1000 1005

Ser Leu Ile Asp Glu Asp Leu Arg Phe Gln Asn Cys Val Met Phe
1010 1015 1020

Asn Gln Ala Tyr Val Glu Thr Leu Ser Ser Tyr Ser Asp Met Ile
1025 1030 1035

Ile Asp Asn Met Thr Met Lys Phe Val Ile Ile Val Tyr Gly Ser
1040 1045 1050

Val Ile Asp Thr Lys Thr Glu Glu Pro Tyr Phe Ala Pro Cys Ile
1055 1060 1065

Ile Pro Thr Thr Cys Glu Gln Val Gln Gly Thr Ser Asp Leu Ser
1070 1075 1080

Lys Leu Leu Ile Ile Gln Ala Ser Glu Leu Thr Gln Arg Asn Ser
1085 1090 1095

Asn Thr Asn Val Met Ala Ser Val Asn Thr Val Phe Glu Gln Pro
1100 1105 1110

Gly Lys Asn Ile Asn Gly Arg Gln Lys Met Ser
1115 1120

<101> 101
<1189> 1189
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (40)..(1065)
<223>

<400> 101
ctatgccttc tgaccccgtc ttggacttca actggggaga atg tgg agc cat ttg 54
Met Trp Ser His Leu
1 5

aac agg ctc ctc ttc tgg agc ata ttt tct tct gtc act tgt aga aaa 102
Asn Arg Leu Leu Phe Trp Ser Ile Phe Ser Ser Val Thr Cys Arg Lys
10 15 20

gct gta ttg gat tgt gag gca atg aaa aca aat gaa ttc cct tct cca 150
Ala Val Leu Asp Cys Glu Ala Met Lys Thr Asn Glu Phe Pro Ser Pro
25 30 35

05.10.04

XPs.ST25.txt

tgt ttg gac tca aag act aag gtg gtt atg aag ggt caa aat gta tct Cys Leu Asp Ser Lys Thr Lys Val Val Met Lys Gly Gln Asn Val Ser 40 45 50	198
atg ttt tgt tcc cat aag aac aaa tca ctg cag atc acc tat tca ttg Met Phe Cys Ser His Lys Asn Lys Ser Leu Gln Ile Thr Tyr Ser Leu 55 60 65	246
ttt cga cgt aag aca cac ctg gga acc cag gat gga aaa ggt gaa cct Phe Arg Arg Lys Thr His Leu Gly Thr Gln Asp Gly Lys Gly Glu Pro 70 75 80 85	294
gcg att ttt aac cta agc atc aca gaa gcc cat gaa tca ggc ccc tac Ala Ile Phe Asn Leu Ser Ile Thr Glu Ala His Glu Ser Gly Pro Tyr 90 95 100	342
aaa tgc aaa gcc caa gtt acc agc tgt tca aaa tac agt cgt gac ttc Lys Cys Lys Ala Gln Val Thr Ser Cys Ser Lys Tyr Ser Arg Asp Phe 105 110 115	390
agc ttc acg att gtc gac ccg gtg act tcc cca gtg ctg aac att atg Ser Phe Thr Ile Val Asp Pro Val Thr Ser Pro Val Leu Asn Ile Met 120 125 130	438
gtc att caa aca gaa aca gac cga cat ata aca tta cat tgc ctc tca Val Ile Gln Thr Glu Thr Asp Arg His Ile Thr Leu His Cys Leu Ser 135 140 145	486
gtc aat ggc tcg ctg ccc atc aat tac act ttc ttt gaa aac cat gtt Val Asn Gly Ser Leu Ile Asn Tyr Thr Phe Phe Glu Asn His Val 150 155 160 165	534
gcc ata tca cca gct att tcc aag tat gac agg gag cct gct gaa ttt Ala Ile Ser Pro Ala Ile Ser Lys Tyr Asp Arg Glu Pro Ala Glu Phe 170 175 180	582
aac tta acc aag aag aat cct gga gaa gag gaa gag tat agg tgt gaa Asn Leu Thr Lys Lys Asn Pro Gly Glu Glu Glu Glu Tyr Arg Cys Glu 185 190 195	630
gct aaa aac aga ttg cct aac tat gca aca tac agt cac cct gtc acc Ala Lys Asn Arg Leu Pro Asn Tyr Ala Thr Tyr Ser His Pro Val Thr 200 205 210	678
gct ccc tca aca ggc gga gac agc tgt cct ttc tgt ctg aag cta cta Pro Pro Ser Thr Gly Gly Asp Ser Cys Pro Phe Cys Leu Lys Leu Leu 215 220 225	726
ctt cca ggg tta tta ctg ttg ctg gtg gtg ata atc cta att ctg gct Leu Pro Gly Leu Leu Leu Leu Val Val Ile Ile Leu Ile Leu Ala 230 235 240 245	774
ttt tgg gta ctg ccc aaa tac aaa aca aga aaa gct atg aga aat aat Phe Trp Val Leu Pro Lys Tyr Lys Thr Arg Lys Ala Met Arg Asn Asn 250 255 260	822
gtg ccc agg gac cgt gga gac aca gcc atg gaa gtt gga atc tat gca Val Pro Arg Asp Arg Gly Asp Thr Ala Met Glu Val Gly Ile Tyr Ala 265 270 275	870
aat atc ctt gaa aaa caa gca aag gag gaa tct gtg cca gaa gtg gga Asn Ile Leu Glu Lys Gln Ala Lys Glu Glu Ser Val Pro Glu Val Gly 280 285 290	918
tcc agg ccg tgt gtt tcc aca gcc caa gat gag gcc aaa cac tcc cag Ser Arg Pro Cys Val Ser Thr Ala Gln Asp Glu Ala Lys His Ser Gln 295 300 305	966

05.10.04

XPs.ST25.txt

gag cta cag tat gcc acc ccc gtg ttc cag gag gtg gca cca aga gag 1014
Glu Leu Gln Tyr Ala Thr Pro Val Phe Gln Glu Val Ala Pro Arg Glu
310 315 320 325

caa gaa gcc tgt gat tct tat aaa tct gga tat gtc tat tct gaa tcc 1062
Gln Glu Ala Cys Asp Ser Tyr Lys Ser Gly Tyr Val Tyr Ser Glu Ser
330 335 340

tga cctcagatga tctgcctgcc tcggcctccc aaagtgctgg aactacaagc 1115

ctgagccacc gtgcccggcc ctgaatcgct ttagtaaata aagggtctcc aagaataaat 1175

tcatccgaac atgc 1189

<210> 102
<211> 341
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 102

Met Trp Ser His Leu Asn Arg Leu Leu Phe Trp Ser Ile Phe Ser Ser
5 10 15

Val Thr Cys Arg Lys Ala Val Leu Asp Cys Glu Ala Met Lys Thr Asn
20 25 30

Glu Phe Pro Ser Pro Cys Leu Asp Ser Lys Thr Lys Val Val Met Lys
35 40 45

Gly Gln Asn Val Ser Met Phe Cys Ser His Lys Asn Lys Ser Leu Gln
50 55 60

Ile Thr Tyr Ser Leu Phe Arg Arg Lys Thr His Leu Gly Thr Gln Asp
65 70 75 80

Gly Lys Gly Glu Pro Ala Ile Phe Asn Leu Ser Ile Thr Glu Ala His
85 90 95

Ser Gly Pro Tyr Lys Cys Lys Ala Gln Val Thr Ser Cys Ser Lys
100 105 110

Tyr Ser Arg Asp Phe Ser Phe Thr Ile Val Asp Pro Val Thr Ser Pro
115 120 125

Val Leu Asn Ile Met Val Ile Gln Thr Glu Thr Asp Arg His Ile Thr
130 135 140

Leu His Cys Leu Ser Val Asn Gly Ser Leu Pro Ile Asn Tyr Thr Phe
145 150 155 160

Phe Glu Asn His Val Ala Ile Ser Pro Ala Ile Ser Lys Tyr Asp Arg
165 170 175

Glu Pro Ala Glu Phe Asn Leu Thr Lys Lys Asn Pro Gly Glu Glu Glu
Seite 152

05.10.04

XPS.ST25.txt
185

180

190

Glu Tyr Arg Cys Glu Ala Lys Asn Arg Leu Pro Asn Tyr Ala Thr Tyr
195 200 205

Ser His Pro Val Thr Met Pro Ser Thr Gly Gly Asp Ser Cys Pro Phe
210 215 220

Cys Leu Lys Leu Leu Leu Pro Gly Leu Leu Leu Leu Val Val Ile
225 230 235 240

Ile Leu Ile Leu Ala Phe Trp Val Leu Pro Lys Tyr Lys Thr Arg Lys
245 250 255

Ala Met Arg Asn Asn Val Pro Arg Asp Arg Gly Asp Thr Ala Met Glu
260 265 270

Gly Ile Tyr Ala Asn Ile Leu Glu Lys Gln Ala Lys Glu Glu Ser
275 280 285

Val Pro Glu Val Gly Ser Arg Pro Cys Val Ser Thr Ala Gln Asp Glu
290 295 300

Ala Lys His Ser Gln Glu Leu Gln Tyr Ala Thr Pro Val Phe Gln Glu
305 310 315 320

Val Ala Pro Arg Glu Gln Glu Ala Cys Asp Ser Tyr Lys Ser Gly Tyr
325 330 335

Val Tyr Ser Glu Ser
340

<210> 103
<211> 2713
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (800)..(1852)
<223>

<400> 103
gggcttggt ggggtgctca gcccaatttt ccgtgtaggg agcgggcggc ggcgggggag 60
gcagagggcgg aggcggagtc aagagcgcac cgccgcgccc gccgtgccgg gcctgagctg 120
gagccggggcg tgagtcgcag caggagccgc agccggagtc acagccgcag ccagagccgc 180
agccaaagcc tcagagagca ggagttggag cgcaggccct gctggatccg cgcctagctc 240
gccgccaggc accggccgga ggacgggccc tggtgtcagc tactgcccc ggcgctgtgg 300
gaggcagcga gcccgcgacc ccccgggccg ggcaccgcca ggcgcggagc ccagatcgcc 360
cccctgccag gcctggtcac ggccagagca cgcaggagtt cccaggggtct ggatctgcgc 420

05.10.04

XPs.ST25.txt

gcacccta	at	gac	ctgggga	ctgaagagaa	aaaaggaacg	aggatttcat	ctaaaagcat	480								
aacgtgggca	ctaggcgagg	aggaaagtgg	agaccacctg	gcacgggggca	gaggtgcctg		540									
gagccccacgc	ttgagcatcg	gagaccctgg	catcctagca	gccgcgacct	tggctctgcc		600									
ctgtctgagc	tggaaacaca	gcttagcttc	tagacatcgc	tggcacaggc	ctggcacaag		660									
taagcagtgt	cctcacctgt	ctgaaacggg	acacgggggtc	ggaggaacca	ggatctagcc		720									
tggccccaag	cggaactctc	tgggtggcca	gaggtcgtca	ctggggagcc	cgctctctgc		780									
cctagcctca	ctggtgcgg	atg	tgc	cgc	tgc	ccg	ccg	gag	cac	cat	gat	ggc	832			
		Met	Cys	Arg	Cys	Pro	Pro	Glu	His	His	Asp	Gly				
		1				5					10					
agg	atg	acc	tca	gcc	gaa	gta	gga	gca	gca	gct	ggt	ggt	gct	cag	gcg	880
Arg	Met	Thr	Ser	Ala	Glu	Val	Gly	Ala	Ala	Ala	Gly	Gly	Ala	Gln	Ala	
			15					20					25			
gct	ggg	ccc	ccc	gag	tgg	ccc	cct	ggc	agc	cct	cag	gcc	ctc	cgg	cag	928
Ala	Gly	Pro	Pro	Glu	Trp	Pro	Pro	Gly	Ser	Pro	Gln	Ala	Leu	Arg	Gln	
		30					35					40				
ct	ggc	cgg	gcc	cga	gtg	gcc	atg	gca	gca	ctg	gtg	tgg	ctg	ctg	gcg	976
Pro	Gly	Arg	Ala	Arg	Val	Ala	Met	Ala	Ala	Leu	Val	Trp	Leu	Leu	Ala	
	45					50					55					
gga	gcc	agc	atg	tca	agc	ctc	aac	aag	tgg	atc	ttc	aca	gtg	cac	ggc	1024
Gly	Ala	Ser	Met	Ser	Ser	Leu	Asn	Lys	Trp	Ile	Phe	Thr	Val	His	Gly	
	60					65				70					75	
ttt	ggg	cgg	ccc	ctg	ctg	ctg	tcg	gcc	ctg	cac	atg	ctg	gtg	gca	gcc	1072
Phe	Gly	Arg	Pro	Leu	Leu	Leu	Ser	Ala	Leu	His	Met	Leu	Val	Ala	Ala	
				80					85					90		
ctg	gca	tgc	cac	cgg	ggg	gca	cgg	cgc	ccc	atg	cca	ggc	ggc	act	cgc	1120
Leu	Ala	Cys	His	Arg	Gly	Ala	Arg	Arg	Pro	Met	Pro	Gly	Gly	Thr	Arg	
			95					100					105			
tgc	cga	gtc	cta	ctg	ctc	agt	ctc	acc	ttt	ggc	acg	tcc	atg	gcc	tgc	1168
Cys	Arg	Val	Leu	Leu	Leu	Ser	Leu	Thr	Phe	Gly	Thr	Ser	Met	Ala	Cys	
		110					115					120				
ggc	aac	gtg	ggc	cta	agg	gct	gtg	ccc	ctg	gac	ctg	gca	caa	ctg	gtt	1216
Gly	Asn	Val	Gly	Leu	Arg	Ala	Val	Pro	Leu	Asp	Leu	Ala	Gln	Leu	Val	
	125					130					135					
act	acc	acc	aca	cct	ctg	ttc	acc	ctg	gcc	ctg	tcg	gcg	ctg	ctg	ctg	1264
Thr	Thr	Thr	Thr	Pro	Leu	Phe	Thr	Leu	Ala	Leu	Ser	Ala	Leu	Leu	Leu	
					145					150					155	
ggc	cgc	cgc	cac	cac	cca	ctt	cag	ttg	gcc	gcc	atg	ggt	ccg	ctc	tgc	1312
Gly	Arg	Arg	His	His	Pro	Leu	Gln	Leu	Ala	Ala	Met	Gly	Pro	Leu	Cys	
				160					165					170		
ctg	ggg	gcc	gcc	tgc	agc	ctg	gct	gga	gag	ttc	cgg	aca	ccc	cct	acc	1360
Leu	Gly	Ala	Ala	Cys	Ser	Leu	Ala	Gly	Glu	Phe	Arg	Thr	Pro	Pro	Thr	
			175					180					185			
ggc	tgt	ggc	ttc	ctg	ctc	gca	gcc	acc	tgc	ctc	cgc	gga	ctc	aag	tcg	1408
Gly	Cys	Gly	Phe	Leu	Leu	Ala	Ala	Thr	Cys	Leu	Arg	Gly	Leu	Lys	Ser	
		190					195					200				
gtt	cag	caa	agt	gcc	ctg	ctg	cag	gag	gag	agg	ctg	gac	gcg	gtg	acc	1456
Val	Gln	Gln	Ser	Ala	Leu	Leu	Gln	Glu	Glu	Arg	Leu	Asp	Ala	Val	Thr	
	205					210					215					

05.10.04

XPs.ST25.txt

ctg ctt tac gcc acc tcg ctg ccc agc ttc tgc ctg ctg gcg ggt gca Leu Leu Tyr Ala Thr Ser Leu Pro Ser Phe Cys Leu Leu Ala Gly Ala 220 225 230 235	1504
gcc ctg gtg ctg gag gct ggc gtt gcc cca ccg ccc act gct ggc gac Ala Leu Val Leu Glu Ala Gly Val Ala Pro Pro Pro Thr Ala Gly Asp 240 245 250	1552
tct cgc ctc tgg gcc tgc atc ctg ctc agc tgc ctc ctg tct gtt ctc Ser Arg Leu Trp Ala Cys Ile Leu Leu Ser Cys Leu Leu Ser Val Leu 255 260 265	1600
tat aac ctg gcc agc ttc tcc ctg ctg gcc ctc acc tct gcc ctc acc Tyr Asn Leu Ala Ser Phe Ser Leu Leu Ala Leu Thr Thr Ala Leu Thr 270 275 280	1648
gtc cac gtc ctg ggc aac ctc acc gtg gtg ggc aac ctc atc ctg tcc Val His Val Leu Gly Asn Leu Thr Val Val Gly Asn Leu Ile Leu Ser 285 290 295	1696
cgg ctg ttg ttt ggc agc cgc ctc agt gcc ctc agc tac gtg ggc atc Arg Leu Leu Phe Gly Ser Arg Leu Ser Ala Leu Ser Tyr Val Gly Ile 300 305 310 315	1744
aca ctc act ctt tca gga atg ttc ctt tac cac aac tgc gag ttc gtg Ala Leu Thr Leu Ser Gly Met Phe Leu Tyr His Asn Cys Glu Phe Val 320 325 330	1792
gcc tcc tgg gct gcc cgt cgg ggg ctg tgg cgg agg gac cag ccc agc Ala Ser Trp Ala Ala Arg Arg Gly Leu Trp Arg Arg Asp Gln Pro Ser 335 340 345	1840
aag ggt ctt tga gacctggggg atctcaggag ccacctggga tggccctggc Lys Gly Leu 350	1892
ctgaatccag cctccgctgt ggccatagaa ggaatggaga acagggctgg gcatggtggc	1952
tcacgcctat aatcccagca cttccagagt ccgaggtggg tggatcacct gaggccagga	2012
gttcgagacc agcctggcta acatggcaaa acctcatctc tactaaaaat agaaaaatta	2072
gctgggcatg gtggcgctg cctatagtcc cagctacatg ggaggctaag gtgggaggat	2132
cacttgagcc ctggagatcg aggctgcagt aagccaagat cgcattgctac tgcactccag	2192
gggagac agagcgagac gctgtctcaa ttaaaaaaaa aaaaaagtgg agaactggca	2252
gtgacctcta ctgggggcca tggcagggag gggagccttc tggaagggt gccttgagga	2312
ttggaatggg gactcccagg gagacctgcg ttccatccct gcctgcctca cccctgccac	2372
agactctgca caccactgga tgggtgggtcc aagcctggca cagtccctgt gcttgtcaga	2432
gtcattatta tgattaatat caattacgat gccaaaaatt gctgggcaaa ctttgaagac	2492
ctcaacttgt tacaatgacg atgatgatga ttcttggcgg ttacacaatc cttcctcctg	2552
ggggggaggc agctaggagg cccagcaggg gggcttctat gctgctgggc tcccctaggg	2612
agttggggta gtctgtgcca actccaggca gctgctgtgg cctcaccctt gggccccca	2672
attttgggtc atccatcctc aaatacacta tttttgcttg t	2713

<210> 104
<211> 350
<212> PRT

05.10.04

XPs.ST25.txt

<213> Homo sapiens

<400> 104

Met Cys Arg Cys Pro Pro Glu His His Asp Gly Arg Met Thr Ser Ala
1 5 10 15

Glu Val Gly Ala Ala Ala Gly Gly Ala Gln Ala Ala Gly Pro Pro Glu
20 25 30

Trp Pro Pro Gly Ser Pro Gln Ala Leu Arg Gln Pro Gly Arg Ala Arg
35 40 45

Val Ala Met Ala Ala Leu Val Trp Leu Leu Ala Gly Ala Ser Met Ser
50 55 60

Ser Leu Asn Lys Trp Ile Phe Thr Val His Gly Phe Gly Arg Pro Leu
65 70 75 80

Leu Leu Ser Ala Leu His Met Leu Val Ala Ala Leu Ala Cys His Arg
85 90 95

Gly Ala Arg Arg Pro Met Pro Gly Gly Thr Arg Cys Arg Val Leu Leu
100 105 110

Leu Ser Leu Thr Phe Gly Thr Ser Met Ala Cys Gly Asn Val Gly Leu
115 120 125

Arg Ala Val Pro Leu Asp Leu Ala Gln Leu Val Thr Thr Thr Thr Pro
130 135 140

Leu Phe Thr Leu Ala Leu Ser Ala Leu Leu Leu Gly Arg Arg His His
145 150 155 160

Pro Leu Gln Leu Ala Ala Met Gly Pro Leu Cys Leu Gly Ala Ala Cys
165 170 175

Ser Leu Ala Gly Glu Phe Arg Thr Pro Pro Thr Gly Cys Gly Phe Leu
180 185 190

Leu Ala Ala Thr Cys Leu Arg Gly Leu Lys Ser Val Gln Gln Ser Ala
195 200 205

Leu Leu Gln Glu Glu Arg Leu Asp Ala Val Thr Leu Leu Tyr Ala Thr
210 215 220

Ser Leu Pro Ser Phe Cys Leu Leu Ala Gly Ala Ala Leu Val Leu Glu
225 230 235 240

Ala Gly Val Ala Pro Pro Pro Thr Ala Gly Asp Ser Arg Leu Trp Ala
245 250 255

05.10.04

XPS.ST25.txt

Cys Ile Leu Leu Ser Cys Leu Leu Ser Val Leu Tyr Asn Leu Ala Ser
260 265 270

Phe Ser Leu Leu Ala Leu Thr Ser Ala Leu Thr Val His Val Leu Gly
275 280 285

Asn Leu Thr Val Val Gly Asn Leu Ile Leu Ser Arg Leu Leu Phe Gly
290 295 300

Ser Arg Leu Ser Ala Leu Ser Tyr Val Gly Ile Ala Leu Thr Leu Ser
305 310 315 320

Gly Met Phe Leu Tyr His Asn Cys Glu Phe Val Ala Ser Trp Ala Ala
325 330 335

Arg Arg Gly Leu Trp Arg Arg Asp Gln Pro Ser Lys Gly Leu
340 345 350

<210> 105
<211> 636
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(636)
<223>

<400> 105
atg aca gaa gca gca tcg ctt gtc cct aag agg cca agg agg ctc aga 48
Met Thr Glu Ala Ala Ser Leu Val Pro Lys Arg Pro Arg Arg Leu Arg
1 5 10 15

ggc agc cac aag ctg cga gtt ctg gca tgg cca gtg gtc gtg gtg gtg 96
Gly Ser His Lys Leu Arg Val Leu Ala Trp Pro Val Val Val Val Val
20 25 30

aac ttt gtt tgg cag tgc aac ggc agc att gct cac acc ttc ctg gag 144
Asn Phe Val Trp Gln Cys Asn Gly Ser Ile Ala His Thr Phe Leu Glu
35 40 45

agc ttc gcc tgc cct gga gga agg tac gca ggc agt cgc cca gcc 192
Leu Ser Phe Ala Cys Pro Gly Gly Arg Tyr Ala Gly Ser Arg Pro Ala
50 55 60

ccg gtt gca ggg atg gac cgc gac cag cag agg gca gaa agt gcc tgt 240
Pro Val Ala Gly Met Asp Arg Asp Gln Gln Arg Ala Glu Ser Ala Cys
65 70 75 80

gtc ccc cat tct cga tcc cgg ggc ccc aac ctc cca tcg gct cag tcc 288
Val Pro His Ser Arg Ser Arg Gly Pro Asn Leu Pro Ser Ala Gln Ser
85 90 95

ccc gcc caa tct ctg cca ggc ccg gag ctt tcc cag acc cct cac cca 336
Pro Ala Gln Ser Leu Pro Gly Pro Glu Leu Ser Gln Thr Pro His Pro
100 105 110

cac tcc agg ctc act ccc cgt tcc tgg gcc tgg gcc ccc ctt gca cga 384
His Ser Arg Leu Thr Pro Arg Ser Trp Ala Trp Ala Pro Leu Ala Arg
115 120 125

gtc cag ggc cag ccg tcc tcg cct tct gcc cgc ccc cgt cct tcg ttc 432

08.10.04

XPs.ST25.txt

Val Gln Gly Gln Pro Ser Ser Pro Ser Ala Arg Pro Arg Pro Ser Phe
130 135 140

ctg gga gcc ggc cct ctc cgc gga cca agc ggc ccc gag cag gcg ccg 480
Leu Gly Ala Gly Pro Leu Arg Gly Pro Ser Gly Pro Glu Gln Ala Pro
145 150 155 160

ccg ccc ggg gga ctc cga ctc agc ccc cgc gac cta cct cgg ccg aca 528
Pro Pro Gly Gly Leu Arg Leu Ser Pro Arg Asp Leu Pro Arg Pro Thr
165 170 175

gtc ggg ggt tcc caa gcg gcc act ccc ggc cgg cgc cgt ccc ctg gcg 576
Val Gly Gly Ser Gln Ala Ala Thr Pro Gly Arg Arg Arg Pro Leu Ala
180 185 190

gag ccg ccg cgc tcc ctg ccg tcc gcg cag tct ggc ctc gct cgg ggc 624
Glu Pro Pro Arg Ser Leu Pro Ser Ala Gln Ser Gly Leu Ala Arg Gly
195 200 205

cac tcc tcg tag 636
His Ser Ser
210

<210> 106
<211> 211
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 106

Met Thr Glu Ala Ala Ser Leu Val Pro Lys Arg Pro Arg Arg Leu Arg
1 5 10 15

Gly Ser His Lys Leu Arg Val Leu Ala Trp Pro Val Val Val Val Val
20 25 30

Asn Phe Val Trp Gln Cys Asn Gly Ser Ile Ala His Thr Phe Leu Glu
35 40 45

Leu Ser Phe Ala Cys Pro Gly Gly Arg Tyr Ala Gly Ser Arg Pro Ala
50 55 60

Val Ala Gly Met Asp Arg Asp Gln Gln Arg Ala Glu Ser Ala Cys
65 70 75 80

Val Pro His Ser Arg Ser Arg Gly Pro Asn Leu Pro Ser Ala Gln Ser
85 90 95

Pro Ala Gln Ser Leu Pro Gly Pro Glu Leu Ser Gln Thr Pro His Pro
100 105 110

His Ser Arg Leu Thr Pro Arg Ser Trp Ala Trp Ala Pro Leu Ala Arg
115 120 125

Val Gln Gly Gln Pro Ser Ser Pro Ser Ala Arg Pro Arg Pro Ser Phe
130 135 140

Leu Gly Ala Gly Pro Leu Arg Gly Pro Ser Gly Pro Glu Gln Ala Pro
Seite 158

05.10.04

XPs.ST25.txt
155

145 150 160

Pro Pro Gly Gly Leu Arg Leu Ser Pro Arg Asp Leu Pro Arg Pro Thr
165 170 175

Val Gly Gly Ser Gln Ala Ala Thr Pro Gly Arg Arg Arg Pro Leu Ala
180 185 190

Glu Pro Pro Arg Ser Leu Pro Ser Ala Gln Ser Gly Leu Ala Arg Gly
195 200 205

His Ser Ser
210

<210> 107
<211> 963
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (46)..(963)
<223>

<400> 107
gactacacaa ggactgaacc agaaggaaga ggacagagca aagcc atg aac atc atc 57
Met Asn Ile Ile
1

cta gaa atc ctt ctg ctt ctg atc acc atc atc tac tcc tac ttg gag 105
Leu Glu Ile Leu Leu Leu Ile Thr Ile Ile Tyr Ser Tyr Leu Glu
5 10 15 20

tcg ttg gtg aag ttt ttc att cct cag agg aga aaa tct gtg gct ggg 153
Ser Leu Val Lys Phe Phe Ile Pro Gln Arg Arg Lys Ser Val Ala Gly
25 30 35

gag att gtt ctc att act gga gct ggg cat gga ata ggc agg cag act 201
Glu Ile Val Leu Ile Thr Gly Ala Gly His Gly Ile Gly Arg Gln Thr
40 45 50

tat gaa ttt gca aaa cga cag agc ata ttg gtt ctg tgg gat att 249
Tyr Glu Phe Ala Lys Arg Gln Ser Ile Leu Val Leu Trp Asp Ile
55 60 65

aat aag cgc ggt gtg gag gaa act gca gct gag tgc cga aaa cta ggc 297
Asn Lys Arg Gly Val Glu Glu Thr Ala Ala Glu Cys Arg Lys Leu Gly
70 75 80

gtc act gcg cat gcg tat gtg gta gac tgc agc aac aga gaa gag atc 345
Val Thr Ala His Ala Tyr Val Val Asp Cys Ser Asn Arg Glu Glu Ile
85 90 95 100

tat cgc tct cta aat cag gtg aag aaa gaa gtg ggt gat gta aca atc 393
Tyr Arg Ser Leu Asn Gln Val Lys Lys Glu Val Gly Asp Val Thr Ile
105 110 115

gtg gtg aat aat gct ggg aca gta tat cca gcc gat ctt ctc agc acc 441
Val Val Asn Asn Ala Gly Thr Val Tyr Pro Ala Asp Leu Ser Thr
120 125 130

aag gat gaa gag att acc aag aca ttt gag gtc aac atc cta gga cat 489
Lys Asp Glu Glu Ile Thr Lys Thr Phe Glu Val Asn Ile Leu Gly His
Seite 159

05.10.04

XPs.ST25.txt

135	140	145	
ttt tgg atc aca aaa gca ctt ctt cca tcg atg atg gag aga aat cat Phe Trp Ile Thr Lys Ala Leu Leu Pro Ser Met Met Glu Arg Asn His 150 155 160			537
ggc cac atc gtc aca gtg gct tca gtg tgc ggc cac gaa ggg att cct Gly His Ile Val Thr Val Ala Ser Val Cys Gly His Glu Gly Ile Pro 165 170 175 180			585
tac ctc atc cca tat tgt tcc agc aaa ttt gcc gct gtt ggc ttt cac Tyr Leu Ile Pro Tyr Cys Ser Ser Lys Phe Ala Ala Val Gly Phe His 185 190 195			633
aga ggt ctg aca tca gaa ctt cag gcc ttg gga aaa act ggt atc aaa Arg Gly Leu Thr Ser Glu Leu Gln Ala Leu Gly Lys Thr Gly Ile Lys 200 205 210			681
acc tca tgt ctc tgc cca gtt ttt gtg aat act ggg ttc acc aaa aat Thr Ser Cys Leu Cys Pro Val Phe Val Asn Thr Gly Phe Thr Lys Asn 215 220 225			729
cca agc aca aga tta tgg cct gta ttg gag aca gat gaa gtc gta aga Pro Ser Thr Arg Leu Trp Pro Val Leu Glu Thr Asp Glu Val Val Arg 230 235 240			777
agt ctg ata gat gga ata ctt acc aat aag aaa atg att ttt gtt cca Ser Leu Ile Asp Gly Ile Leu Thr Asn Lys Lys Met Ile Phe Val Pro 245 250 255 260			825
tcg tat atc aat atc ttt ctg aga cta cag aat cct gat aat att aaa Ser Tyr Ile Asn Ile Phe Leu Arg Leu Gln Asn Pro Asp Asn Ile Lys 265 270 275			873
aac att ggt ttg gca cta gca gca gtc aaa cga aca aga tta att acc Asn Ile Gly Leu Ala Leu Ala Ala Val Lys Arg Thr Arg Leu Ile Thr 280 285 290			921
tgt ctt cct gtt tct caa gaa tat tta cgt agt ttt tca tag Cys Leu Pro Val Ser Gln Glu Tyr Leu Arg Ser Phe Ser 295 300 305			963

<210> 108
<211> 305
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 108

Met Asn Ile Ile Leu Glu Ile Leu Leu Leu Leu Ile Thr Ile Ile Tyr
1 5 10 15

Ser Tyr Leu Glu Ser Leu Val Lys Phe Phe Ile Pro Gln Arg Arg Lys
20 25 30

Ser Val Ala Gly Glu Ile Val Leu Ile Thr Gly Ala Gly His Gly Ile
35 40 45

Gly Arg Gln Thr Thr Tyr Glu Phe Ala Lys Arg Gln Ser Ile Leu Val
50 55 60

Leu Trp Asp Ile Asn Lys Arg Gly Val Glu Glu Thr Ala Ala Glu Cys
65 70 75 80

08.10.04

XPSt25.txt

Arg Lys Leu Gly Val Thr Ala His Ala Tyr Val Val Asp Cys Ser Asn
85 90 95

Arg Glu Glu Ile Tyr Arg Ser Leu Asn Gln Val Lys Lys Glu Val Gly
100 105 110

Asp Val Thr Ile Val Val Asn Asn Ala Gly Thr Val Tyr Pro Ala Asp
115 120 125

Leu Leu Ser Thr Lys Asp Glu Glu Ile Thr Lys Thr Phe Glu Val Asn
130 135 140

Ile Leu Gly His Phe Trp Ile Thr Lys Ala Leu Leu Pro Ser Met Met
145 150 155 160

Glu Arg Asn His Gly His Ile Val Thr Val Ala Ser Val Cys Gly His
165 170 175

Glu Gly Ile Pro Tyr Leu Ile Pro Tyr Cys Ser Ser Lys Phe Ala Ala
180 185 190

Val Gly Phe His Arg Gly Leu Thr Ser Glu Leu Gln Ala Leu Gly Lys
195 200 205

Thr Gly Ile Lys Thr Ser Cys Leu Cys Pro Val Phe Val Asn Thr Gly
210 215 220

Phe Thr Lys Asn Pro Ser Thr Arg Leu Trp Pro Val Leu Glu Thr Asp
225 230 235 240

Glu Val Val Arg Ser Leu Ile Asp Gly Ile Leu Thr Asn Lys Lys Met
245 250 255

Phe Val Pro Ser Tyr Ile Asn Ile Phe Leu Arg Leu Gln Asn Pro
260 265 270

Asp Asn Ile Lys Asn Ile Gly Leu Ala Leu Ala Ala Val Lys Arg Thr
275 280 285

Arg Leu Ile Thr Cys Leu Pro Val Ser Gln Glu Tyr Leu Arg Ser Phe
290 295 300

Ser
305

<210> 109
<211> 6014
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS
 <222> (56)..(2509)
 <223>

<400> 109

```

caccgcgaag gagcgggtgtg agcgggtccaa ggagccccgc aggtttgcct cggag atg      58
                                     Met
                                     1

aag cag tgt gtc cgg ctg acg gtc cat ccc aac aat atc tcc gtc tct      106
Lys Gln Cys Val Arg Leu Thr Val His Pro Asn Asn Ile Ser Val Ser
                    5                                10                15

cag tac aac gtg ctg ctg gtc ctg gag acg tac aat gtc ccg gag ctg      154
Gln Tyr Asn Val Leu Leu Val Leu Glu Thr Tyr Asn Val Pro Glu Leu
                    20                                25                30

tca gct ggc gtc aac tgc acc ttt gag gac ctg tca gag atg gat ggg      202
Ser Ala Gly Val Asn Cys Thr Phe Glu Asp Leu Ser Glu Met Asp Gly
                    35                                40                45

ctg gtc gtg ggc aat cag atc cag tgc tac tcc cct gca gcc aag gag      250
Leu Val Val Gly Asn Gln Ile Gln Cys Tyr Ser Pro Ala Ala Lys Glu
                    50                                55                60                65

gtg ccc cgg atc atc aca gag aat ggg gac cac cat gtc gta cag ctt      298
Val Pro Arg Ile Ile Thr Glu Asn Gly Asp His His Val Val Gln Leu
                    65                                70                75                80

cag ctc aaa tca aag gag acc ggc atg acc ttc gcc agc acc agc ttt      346
Gln Leu Lys Ser Lys Glu Thr Gly Met Thr Phe Ala Ser Thr Ser Phe
                    85                                90                95

gtc ttc tac aat tgc agc gtc cac aat tcg tgc ctg tcc tgc gtg gag      394
Val Phe Tyr Asn Cys Ser Val His Asn Ser Cys Leu Ser Cys Val Glu
                    100                               105                110

agt cca tac cgc tgc cac tgg tgt aaa tac cgg cat gtc tgc acc cat      442
Ser Pro Tyr Arg Cys His Trp Cys Lys Tyr Arg His Val Cys Thr His
                    115                               120                125

gac ccc aag acc tgc tcc ttc cag gaa ggc cga gtg aag ctg ccc gag      490
Asp Pro Lys Thr Cys Ser Phe Gln Glu Gly Arg Val Lys Leu Pro Glu
                    130                               135                140                145

ac tgc ccc cag ctg ctg cga gtg gac aag atc ctg gtg ccc gtg gag      538
Cys Pro Gln Leu Leu Arg Val Asp Lys Ile Leu Val Pro Val Glu
                    150                               155                160

gtg atc aag cct atc acg ctg aag gcc aag aac ctc ccc cag ccc cag      586
Val Ile Lys Pro Ile Thr Leu Lys Ala Lys Asn Leu Pro Gln Pro Gln
                    165                               170                175

tct ggg cag cgt ggc tac gaa tgc atc ctc aac att cag ggc agc gag      634
Ser Gly Gln Arg Gly Tyr Glu Cys Ile Leu Asn Ile Gln Gly Ser Glu
                    180                               185                190

cag cga gtg ccc gcc ctg cgc ttc aac agc tcc agc gta cag tgc cag      682
Gln Arg Val Pro Ala Leu Arg Phe Asn Ser Ser Ser Val Gln Cys Gln
                    195                               200                205

aac acc tct tat tcc tat gaa ggg atg gag atc aac aac ctg ccc gtg      730
Asn Thr Ser Tyr Ser Tyr Glu Gly Met Glu Ile Asn Asn Leu Pro Val
                    210                               215                220                225

gag ttg aca gtc gtg tgg aat ggg cac ttc aac att gac aac cca gct      778
Glu Leu Thr Val Val Trp Asn Gly His Phe Asn Ile Asp Asn Pro Ala
                    230                               235                240

```

cag Gln	aat Asn	aaa Lys	gtt Val 245	cac His	ctc Leu	tac Tyr	aag Lys	tgt Cys 250	gga Gly	gcc Ala	atg Met	cgt Arg	gag Glu 255	agc Ser	tgc Cys	826
ggg Gly	ctg Leu	tgc Cys 260	ctc Leu	aag Lys	gct Ala	gac Asp	cca Pro 265	gac Asp	ttc Phe	gca Ala	tgt Cys	ggc Gly 270	tgg Trp	tgc Cys	cag Gln	874
ggc Gly	cca Pro 275	ggc Gly	cag Gln	tgc Cys	acc Thr	ctg Leu 280	cgc Arg	cag Gln	cac His	tgc Cys	cct Pro 285	gcc Ala	cag Gln	gag Glu	agc Ser	922
cag Gln 290	tgg Trp	ctg Leu	gag Glu	ctg Leu	tct Ser 295	ggt Gly	gcc Ala	aaa Lys	agc Ser	aag Lys 300	tgc Cys	aca Thr	aac Asn	ccc Pro	cgc Arg 305	970
atc Ile	aca Thr	gag Glu	ata Ile	atc Ile 310	ccg Pro	gtg Val	aca Thr	ggc Gly	ccc Pro 315	cgg Arg	gaa Glu	ggg Gly	ggc Gly	acc Thr 320	aag Lys	1018
gtc Val	act Thr	atc Ile	cga Arg 325	ggg Gly	gag Glu	aac Asn	ctg Leu	ggc Gly 330	ctg Leu	gaa Glu	ttt Phe	cgc Arg	gac Asp 335	atc Ile	gcc Ala	1066
tcc Ser	cat His	gtc Val 340	aag Lys	gtt Val	gct Ala	ggc Gly	gtg Val 345	gag Glu	tgc Cys	agc Ser	cct Pro	tta Leu 350	gtg Val	gat Asp	ggt Gly	1114
tac Tyr	atc Ile 355	cct Pro	gca Ala	gaa Glu	cag Gln	atc Ile 360	gtg Val	tgt Cys	gag Glu	atg Met	ggg Gly 365	gag Glu	gcc Ala	aag Lys	ccc Pro	1162
agc Ser 370	cag Gln	cat His	gca Ala	ggc Gly	ttc Phe 375	gtg Val	gag Glu	atc Ile	tgc Cys	gtg Val 380	gct Ala	gtg Val	tgt Cys	cgg Arg	cct Pro 385	1210
gaa Glu	ttc Phe	atg Met	gcc Ala	cgg Arg 390	tcc Ser	tca Ser	cag Gln	ctc Leu	tat Tyr 395	tac Tyr	ttc Phe	atg Met	aca Thr	ctg Leu 400	act Thr	1258
ctc Leu	tca Ser	gat Asp	ctg Leu 405	aag Lys	ccc Pro	agc Ser	cgg Arg	ggg Gly 410	ccc Pro	atg Met	tcc Ser	gga Gly	ggg Gly 415	acc Thr	caa Gln	1306
gag Thr	acc Thr 420	atc Ile	aca Thr	ggc Gly	acc Thr	aac Asn	ctg Leu 425	aat Asn	gcc Ala	gga Gly	agc Ser	aac Asn 430	gtg Val	gtg Val	gtg Val	1354
atg Met	ttt Phe 435	gga Gly	aag Lys	cag Gln	ccc Pro	tgt Cys 440	ctc Leu	ttc Phe	cac His	agg Arg	cga Arg 445	tct Ser	cca Pro	tcc Ser	tac Tyr	1402
att Ile 450	gtc Val	tgc Cys	aac Asn	acc Thr	aca Thr 455	tcc Ser	tca Ser	gat Asp	gag Glu	gtg Val 460	cta Leu	gag Glu	atg Met	aag Lys	gtg Val 465	1450
tcg Ser	gtg Val	cag Gln	gtg Val	gac Asp 470	agg Arg	gcc Ala	aag Lys	atc Ile	cac His 475	cag Gln	gac Asp	ctg Leu	gtc Val	ttt Phe 480	cag Gln	1498
tat Tyr	gtg Val	gaa Glu	gac Asp 485	ccc Pro	acc Thr	atc Ile	gtg Val	cgg Arg 490	att Ile	gag Glu	cca Pro	gaa Glu	tgg Trp 495	agc Ser	att Ile	1546
gtc Val	agt Ser	gga Gly 500	aac Asn	aca Thr	ccc Pro	atc Ile	gcc Ala 505	gta Val	tgg Trp	ggg Gly	acc Thr	cac His 510	ctg Leu	gac Asp	ctc Leu	1594

05.10.04

XP5.ST25.txt

ata Ile 515	cag Gln	aac Asn	ccc Pro	cag Gln	atc Ile	cgt Arg 520	gcc Ala	aag Lys	cat His	gga Gly	ggg Gly 525	aag Lys	gag Glu	cac His	atc Ile	1642
aat Asn 530	atc Ile	tgt Cys	gag Glu	gtt Val	ctg Leu 535	aac Asn	gct Ala	act Thr	gag Glu	atg Met 540	acc Thr	tgt Cys	cag Gln	gcg Ala	ccc Pro 545	1690
gcc Ala	ctc Leu	gct Ala	ctg Leu	ggt Gly 550	cct Pro	gac Asp	cac His	cag Gln	tca Ser 555	gac Asp	ctg Leu	acc Thr	gag Glu	agg Arg 560	ccc Pro	1738
gag Glu	gag Glu	ttt Phe	ggc Gly 565	ttc Phe	atc Ile	ctg Leu	gac Asp	aac Asn 570	gtc Val	cag Gln	tcc Ser	ctg Leu	ctc Leu 575	atc Ile	ctc Leu	1786
aac Asn	aag Lys	acc Thr 580	aac Asn	ttc Phe	acc Thr	tac Tyr	tat Tyr 585	ccc Pro	aac Asn	ccg Pro	gtg Val	ttt Phe 590	gag Glu	gcc Ala	ttt Phe	1834
ggt Gly 595	ccc Pro	tca Ser	gga Gly	atc Ile	ctg Leu	gag Glu 600	ctc Leu	aag Lys	cct Pro	ggc Gly	acg Thr 605	ccc Pro	atc Ile	atc Ile	cta Leu	1882
aag Lys 610	ggc Gly	aag Lys	aac Asn	ctg Leu	atc Ile 615	ccg Pro	cct Pro	gtg Val	gct Ala	ggg Gly 620	ggc Gly	aac Asn	gtg Val	aag Lys	ctg Leu 625	1930
aac Asn	tac Tyr	act Thr	gtg Val	ctg Leu 630	gtt Val	ggg Gly	gag Glu	aag Lys	ccg Pro 635	tgc Cys	acc Thr	gtg Val	acc Thr	gtg Val 640	tca Ser	1978
gat Asp	gtc Val	cag Gln	ctg Leu 645	ctc Leu	tgc Cys	gag Glu	tcc Ser	ccc Pro 650	aac Asn	ctc Leu	atc Ile	ggc Gly	agg Arg 655	cac His	aaa Lys	2026
gtg Val	atg Met	gcc Ala 660	cgt Arg	gtc Val	ggt Gly	ggc Gly	atg Met 665	gag Glu	tac Tyr	tcc Ser	ccg Pro	ggg Gly 670	atg Met	gtg Val	tac Tyr	2074
att Ile 675	gcc Ala	ccg Pro	gac Asp	agc Ser	ccg Pro	ctc Leu 680	agc Ser	ctg Leu	ccc Pro	gcc Ala	atc Ile 685	gtc Val	agc Ser	atc Ile	gca Ala	2122
gtg Ala	gct Ala	ggc Gly	ggc Gly	ctc Leu	ctc Leu 695	atc Ile	att Ile	ttc Phe	atc Ile	gtg Val 700	gcc Ala	gtg Val	ctc Leu	att Ile	gcc Ala 705	2170
tat Tyr	aaa Lys	cgc Arg	aag Lys	tcc Ser 710	cgc Arg	gaa Glu	agt Ser	gac Asp	ctc Leu 715	acg Thr	ctg Leu	aag Lys	cgc Arg	ctg Leu 720	cag Gln	2218
atg Met	cag Gln	atg Met	gac Asp 725	aac Asn	ctg Leu	gag Glu	tcc Ser	cgt Arg 730	gtg Val	gcc Ala	ctg Leu	gag Glu	tgc Cys 735	aag Lys	gaa Glu	2266
ggt Gly	act Thr	gag Glu	tgg Trp	ccc Pro	cat His	gct Ala	gga Gly 745	ggc Gly	cat His	gtg Val	tgt Cys	gtg Val 750	cgt Arg	gtg Val	tgc Cys	2314
ata Ile 755	tgt Cys	gtg Val	tgc Cys	atg Met	cac His	atc Ile 760	tgt Cys	gta Val	tgt Cys	gta Val	tgc Cys 765	ata Ile	tgt Cys	ttc Phe	ata Ile	2362
tac Tyr 770	aaa Lys	caa Gln	gca Ala	ggc Gly	tgg Trp 775	gca Ala	gca Ala	gtg Val	ggc Gly	agt Ser 780	gct Ala	gga Gly	ggc Gly	tgg Trp	cgg Arg 785	2410

tgt gtg tgt ctg tgc gaa tgt gtg tgt gtg cat gtg tgt gtg tgc aca	2458
Cys Val Cys Leu Cys Glu Cys Val Cys Val His Val Cys Val Cys Thr	
790 795 800	
tct gta tgt ata tat gtt tca tat aca agc aag cag gcc ggg cag cag	2506
Ser Val Cys Ile Tyr Val Ser Tyr Thr Ser Lys Gln Ala Gly Gln Gln	
805 810 815	
tga gcagtgctgg aggctgtata tgtgtctgtg tgcgtgcgca tctgtgtatg	2559
tgtatatgtt tcatgtacaa gcaagcaggc cgggcagcag tgggcagtgc tggaggctct	2619
gtgtgtgcgt gtgcatgtgt gtgtatgtat gtgtatgtgt tccatttaca agcaagcagg	2679
ccaggcaact gtgagcagt ctggaggctg tgtgcgcgtg tgtgtgtgta tgtgtatgtg	2739
tttcatttac aagcaagcag gccaggcagc tgtgagcagt gctggaggct gtgtgtgtgt	2799
gtgtgtgagc acgcacgtgt gtgagcacgc acgtgtatgt gtatgtgtgt catttacaag	2859
caagcaggcc aggcagctgt gagcagtgt ggaggccgtg tgtgtgtgtg tgtgtgtgtg	2919
cgcgcgcg cctgtatatg tgtatgtgtt tcattttacaa gcaagcaggc caggcagctg	2979
tgggcagtgc tggaggctgt gtgtgtgtgc acgtgtgtgt atgcgtatgt gtttcattta	3039
caagcaagca ggccaggcag ctgtgggcag tgctggaggc tgtgtgtgtg tgtgtgtgtg	3099
tgtgtgtgta tatatgtgta tgtgtatgtg tttcatttac aagcaagcag cccaggcagc	3159
tgtgggcagt gctggaggct gtgtgtgtgt gtgtgtgtgt gtgtgtatgt gtttcattta	3219
caagtgtgtg tgtgtgtgtg tatgtgtatg tgtatgtgtt tcattttacaa gcaagcaggc	3279
caggcagctg tgggcaatgc tggaggctgt gcacccctacc tgcatacctg caaagcctct	3339
cactctatag tccctatgcc tgtgtcccag accacaccca tacccaagca ggccccaccc	3399
tggcaacacc agagaggcca aggtctcctt gccctctcct tgaagggtgta gtgattagaa	3459
tctcttttat gtgtggcagg cacacagctt tgaatgttgg aggcgcttgg tgacttaaag	3519
gaaagctgca gactgataaa aagccaactc cctccttctg ctccctgtgg gccgagcacc	3579
gactggga gggggcagcc gaggggagct cccaccagc attgtcacct tcacccact	3639
gacactt caccacta gagcagcctc catacctgga atcctgggtg agtgggtttt	3699
gcactctact cgaggggagg tctgggggtg tcttaacatg acgcatttca gcaatctcca	3759
gctttcttcc tctagcagga aggtaaggct gtagggctga tctgtgattt agaaggaagg	3819
gtgtttcaaa gcttgtatta aaaaaattac aaacaccacc ataaagtga atcagctgca	3879
ctaaatccaa gaaggaaatt taggagtcag actcttgtaa cccccaggat atcattttgt	3939
gactcatcct gggaggatct gagctggttc tttgctgtag atttgtacat ggagtaaadc	3999
cggccccata cctggggctc tcaattcaca ccgattccca ccagggcagc cacggctctt	4059
tttgatgggg aagtggatcc attccatccc ctctctacat ccttcagctg tcaacacagc	4119
atccgccttg tgggactgtt aattactgcc ttttattata tttacgctgc ttaatttttt	4179
tctccgcaat gtactctttc ctctaattag gtgtagtgat tagaatctct tttatgtgtg	4239
gcaggcacgc agctttgaat gttggaggcg cttggtgact taaaggaaag ctgcagactg	4299

05.10.04

XPs.ST25.txt

ataaaaaagcc aacaccctcc ttctgctccc tgtggggccga gcaccccaac tgggagggag 4359
cagccgatgg gagctccac ccaggattgt cagctgaggc cccaggagga aaccttggct 4419
tcagacttta ggggcgagct atgctgtgca cgtaggaaga aggggtctta cagcaaagga 4479
cttgtcagac tagccacaga ggcactttgc agcttgccca gagccagcca ctgaacgttt 4539
acagggctgc actggcccaa gccaaaggggt ctccttgaag acttcacagc aagccaggac 4599
gtcctctaca caaactcaga agacaccag ctgggccctt catgggccta agcttctgat 4659
atataaacat acccgtgtat ttacaaacac tcccacacag gccacacac ctcactgac 4719
atacactcat ggactcacac atacactcac atgcacacat gcatgcacac tcacatacac 4779
tcactcgtgc actcacacat acatgccac acatagtgc atgctcacac actcatgctt 4839
tcacatacat acactcactg acatacactc atgtgctcac acgctcatgt actcacattc 4899
ctacacacac actgacatat acttacacac tcacacttgc acatgcatac acatgcactc 4959
ctgcacac atgcatgcac actcatacac tcacgcactc aacttgcagg cgtgcacaca 5019
catgccaca tactcatgca ctcacattca cacatgcgtg cacacataga cgcatgcact 5079
cacacatgca tacacacaga catacacatg cactcacatt cgtacttgca tacacacaa 5139
cacacatatg cacactcaca ctgacaagca tacacacaca ctcatgcact cacaccacg 5199
caggcactca cattcacaca catacacact cattgacata cattcattca catccatgca 5259
ctcacattca cacatgcata cacactgaca ttcacacttg cacatgccta cacactcact 5319
gacatacaca cacacatgca gtcatacaca ctccctgaca tgctcacaca ctgtcatact 5379
cacacactcc ctgacatgct cacacactgt cacactcaca cactcacata cactccctga 5439
catacacact cagacaagtg cccatgcacc cacacctatg ctcatgcaca tgttccccaca 5499
ctctcttata agcatacaca cccatgttcc tcactcagga cacacatgaa tgttccccag 5559
ggcatcatgt gacatgcag aggacagatg gtggaaaaga catgagcaac ctaatgggaa 5619
gaaaatg ggaacaatg cattggaaga ggaagaaaaa aaataaataa ccaaagggtt 5679
tggaagtgc agtaccaggt ggagaagctt gacttttcta tccttgatca ttttattccc 5739
tcccaagaag tcagtcacag gacctggaag gccagaaagg gtacatgtgg gagacggtct 5799
gaggaagtac ctcggtcact acaatatattt tgcacatata aagggttggg gaggaagag 5859
acacaaacgt atttaacaca gatttgctgg atggaagctg cgtgtgtgaa cgtgtgtatg 5919
agtgagtgc ttttgatttt tttttttttt ttttgcacag ttaagagaaa aaatcaaaca 5979
agcagaaaaa aaaaagaaaa aagacttatc acggt 6014

<210> 110
<211> 817
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 110

Met Lys Glu Cys Val Arg Leu Thr Val His Pro Asn Ile Ser Val

08.10.04

XP5.ST25.txt
10

1

5

15

Ser Gln Tyr Asn Val Leu Leu Val Leu Glu Thr Tyr Asn Val Pro Glu
20 25 30

Leu Ser Ala Gly Val Asn Cys Thr Phe Glu Asp Leu Ser Glu Met Asp
35 40 45

Gly Leu Val Val Gly Asn Gln Ile Gln Cys Tyr Ser Pro Ala Ala Lys
50 55 60

Glu Val Pro Arg Ile Ile Thr Glu Asn Gly Asp His His Val Val Gln
65 70 75 80

Leu Gln Leu Lys Ser Lys Glu Thr Gly Met Thr Phe Ala Ser Thr Ser
85 90 95

Val Phe Tyr Asn Cys Ser Val His Asn Ser Cys Leu Ser Cys Val
100 105 110

Glu Ser Pro Tyr Arg Cys His Trp Cys Lys Tyr Arg His Val Cys Thr
115 120 125

His Asp Pro Lys Thr Cys Ser Phe Gln Glu Gly Arg Val Lys Leu Pro
130 135 140

Glu Asp Cys Pro Gln Leu Leu Arg Val Asp Lys Ile Leu Val Pro Val
145 150 155 160

Glu Val Ile Lys Pro Ile Thr Leu Lys Ala Lys Asn Leu Pro Gln Pro
165 170 175

Gln Ser Gly Gln Arg Gly Tyr Glu Cys Ile Leu Asn Ile Gln Gly Ser
180 185 190

Gln Arg Val Pro Ala Leu Arg Phe Asn Ser Ser Ser Val Gln Cys
195 200 205

Gln Asn Thr Ser Tyr Ser Tyr Glu Gly Met Glu Ile Asn Asn Leu Pro
210 215 220

Val Glu Leu Thr Val Val Trp Asn Gly His Phe Asn Ile Asp Asn Pro
225 230 235 240

Ala Gln Asn Lys Val His Leu Tyr Lys Cys Gly Ala Met Arg Glu Ser
245 250 255

Cys Gly Leu Cys Leu Lys Ala Asp Pro Asp Phe Ala Cys Gly Trp Cys
260 265 270

Gln Gly Pro Gly Gln Cys Thr Leu Arg Gln His Cys Pro Ala Gln Glu
Seite 167

08.10.04

XPs.ST25.txt

275

280

285

Ser Gln Trp Leu Glu Leu Ser Gly Ala Lys Ser Lys Cys Thr Asn Pro
290 295 300

Arg Ile Thr Glu Ile Ile Pro Val Thr Gly Pro Arg Glu Gly Gly Thr
305 310 315 320

Lys Val Thr Ile Arg Gly Glu Asn Leu Gly Leu Glu Phe Arg Asp Ile
325 330 335

Ala Ser His Val Lys Val Ala Gly Val Glu Cys Ser Pro Leu Val Asp
340 345 350

Gly Tyr Ile Pro Ala Glu Gln Ile Val Cys Glu Met Gly Glu Ala Lys
355 360 365

Pro Ser Gln His Ala Gly Phe Val Glu Ile Cys Val Ala Val Cys Arg
370 375 380

Pro Glu Phe Met Ala Arg Ser Ser Gln Leu Tyr Tyr Phe Met Thr Leu
385 390 395 400

Thr Leu Ser Asp Leu Lys Pro Ser Arg Gly Pro Met Ser Gly Gly Thr
405 410 415

Gln Val Thr Ile Thr Gly Thr Asn Leu Asn Ala Gly Ser Asn Val Val
420 425 430

Val Met Phe Gly Lys Gln Pro Cys Leu Phe His Arg Arg Ser Pro Ser
435 440 445

Tyr Ile Val Cys Asn Thr Thr Ser Ser Asp Glu Val Leu Glu Met Lys
450 455 460

Ser Val Gln Val Asp Arg Ala Lys Ile His Gln Asp Leu Val Phe
465 470 475 480

Gln Tyr Val Glu Asp Pro Thr Ile Val Arg Ile Glu Pro Glu Trp Ser
485 490 495

Ile Val Ser Gly Asn Thr Pro Ile Ala Val Trp Gly Thr His Leu Asp
500 505 510

Leu Ile Gln Asn Pro Gln Ile Arg Ala Lys His Gly Gly Lys Glu His
515 520 525

Ile Asn Ile Cys Glu Val Leu Asn Ala Thr Glu Met Thr Cys Gln Ala
530 535 540

Pro Ala Leu Ala Leu Gly Pro Asp His Gln Ser Asp Leu Thr Glu Arg
Seite 168

05.10.04

XPs.ST25.txt
555

545

550

560

Pro Glu Glu Phe Gly Phe Ile Leu Asp Asn Val Gln Ser Leu Leu Ile
565 570 575

Leu Asn Lys Thr Asn Phe Thr Tyr Tyr Pro Asn Pro Val Phe Glu Ala
580 585 590

Phe Gly Pro Ser Gly Ile Leu Glu Leu Lys Pro Gly Thr Pro Ile Ile
595 600 605

Leu Lys Gly Lys Asn Leu Ile Pro Pro Val Ala Gly Gly Asn Val Lys
610 615 620

Leu Asn Tyr Thr Val Leu Val Gly Glu Lys Pro Cys Thr Val Thr Val
625 630 635 640

Ser Asp Val Gln Leu Leu Cys Glu Ser Pro Asn Leu Ile Gly Arg His
645 650 655

Lys Val Met Ala Arg Val Gly Gly Met Glu Tyr Ser Pro Gly Met Val
660 665 670

Tyr Ile Ala Pro Asp Ser Pro Leu Ser Leu Pro Ala Ile Val Ser Ile
675 680 685

Ala Val Ala Gly Gly Leu Leu Ile Ile Phe Ile Val Ala Val Leu Ile
690 695 700

Ala Tyr Lys Arg Lys Ser Arg Glu Ser Asp Leu Thr Leu Lys Arg Leu
705 710 715 720

Gln Met Gln Met Asp Asn Leu Glu Ser Arg Val Ala Leu Glu Cys Lys
725 730 735

Ile Gly Thr Glu Trp Pro His Ala Gly Gly His Val Cys Val Arg Val
740 745 750

Cys Ile Cys Val Cys Met His Ile Cys Val Cys Val Cys Ile Cys Phe
755 760 765

Ile Tyr Lys Gln Ala Gly Trp Ala Ala Val Gly Ser Ala Gly Gly Trp
770 775 780

Arg Cys Val Cys Leu Cys Glu Cys Val Cys Val His Val Cys Val Cys
785 790 795 800

Thr Ser Val Cys Ile Tyr Val Ser Tyr Thr Ser Lys Gln Ala Gly Gln
805 810 815

Gln

05-10-04

XPs.ST25.txt

<210> 111
<211> 2358
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(2358)
<223>

<400> 111
atg att act aac acc att gac tac tat agc caa tct ttg ttt ggc tcc 48
Met Ile Thr Asn Thr Ile Asp Tyr Tyr Ser Gln Ser Leu Phe Gly Ser
1 5 10 15
aag aga cac aga atg cat aag gaa gaa gat ata gag ctt ctc cca aaa 96
Lys Arg His Arg Met His Lys Glu Glu Asp Ile Glu Leu Leu Pro Lys
20 25 30
gtc agc tct ccc tat tgt ctt cta aac ctt ctt ctt att gtg gcc ccg 144
Val Ser Ser Pro Tyr Cys Leu Leu Asn Leu Leu Leu Ile Val Ala Pro
35 40 45
aca agc ctg ggt aac tgc ggc cat cgc cag agc agc ctt ggc gct atg 192
Thr Ser Leu Gly Asn Cys Gly His Arg Gln Ser Ser Leu Gly Ala Met
50 55 60
gag gcg ccc agg gct acc cct cag cct tac tgg ggg ctg gtc ctg gag 240
Glu Ala Pro Arg Ala Thr Pro Gln Pro Tyr Trp Gly Leu Val Leu Glu
65 70 75 80
gag cca cgc agg gtt atg gca gca ctg act gaa ggc agg aga cca gat 288
Glu Pro Arg Arg Val Met Ala Ala Leu Thr Glu Gly Arg Arg Pro Asp
85 90 95
tcg aat cct tat gga tta cca tgg gaa ttg gtg ata tgt gcc gct gtc 336
Ser Asn Pro Tyr Gly Leu Pro Trp Glu Leu Val Ile Cys Ala Ala Val
100 105 110
gtt gga ttt ttt gct gtt ccc ttt ttc ttg tgg aga agt ttt aga tcg 384
Val Gly Phe Phe Ala Val Pro Phe Phe Leu Trp Arg Ser Phe Arg Ser
115 120 125
ttt agg agt cgg ctt tat gtg gga aga gag aaa aag ctt gct gta gca 432
Val Arg Ser Arg Leu Tyr Val Gly Arg Glu Lys Lys Leu Ala Val Ala
130 135 140
ctt tct gga cta att gaa gaa aaa tgt aga cta ctt gaa aaa ttt agc 480
Leu Ser Gly Leu Ile Glu Glu Lys Cys Arg Leu Leu Glu Lys Phe Ser
145 150 155 160
ctt gtt caa aaa gag tat gaa agc tat gaa ata gag tca tct tta gac 528
Leu Val Gln Lys Glu Tyr Glu Ser Tyr Glu Ile Glu Ser Ser Leu Asp
165 170 175
gat tcc agc ttt gag aag gag gca aca gaa gca cag agt ttg gag gca 576
Asp Ser Ser Phe Glu Lys Glu Ala Thr Glu Ala Gln Ser Leu Glu Ala
180 185 190
acc tgt gaa aag ctg agc agg tcc aat tct gaa ctg gag cat gaa ata 624
Thr Cys Glu Lys Leu Ser Arg Ser Asn Ser Glu Leu Glu His Glu Ile
195 200 205
ccc tgt cta gaa aag gag tta aaa gaa gag aaa tct aaa cat tct gaa 672
Pro Cys Leu Glu Lys Glu Leu Lys Glu Glu Lys Ser Lys His Ser Glu

05.10.04

XPs.ST25.txt
220

210

215

caa gat gag gtg atg gcg gat att tcc aaa agg ata cag tct cta gaa	720
Gln Asp Glu Val Met Ala Asp Ile Ser Lys Arg Ile Gln Ser Leu Glu	
225 230 235 240	
gat gag tca aaa tcc ctc aaa tcc cat gta gct gaa gcc aaa atg acc	768
Asp Glu Ser Lys Ser Leu Lys Ser His Val Ala Glu Ala Lys Met Thr	
245 250 255	
ttc aag aga ttt caa atg aat gaa gaa aga atg aag ata gga ata caa	816
Phe Lys Arg Phe Gln Met Asn Glu Glu Arg Met Lys Ile Gly Ile Gln	
260 265 270	
tat gct tta aat gaa aat tct caa ctt cag gaa agc cag aaa cag ctt	864
Tyr Ala Leu Asn Glu Asn Ser Gln Leu Gln Glu Ser Gln Lys Gln Leu	
275 280 285	
ttg caa gaa gct gaa gca tgg aaa gaa caa gct gct gtg ctg gaa gaa	912
Leu Gln Glu Ala Glu Ala Trp Lys Glu Gln Ala Ala Val Leu Glu Glu	
290 295 300	
gac ata aca gat gat ggt aac ttg gaa tta gaa atg aac agt gaa tca	960
asp ile thr asp asp gly asn leu glu leu glu met asn ser glu ser	
305 310 315 320	
gaa gat ggt gct tac gta gat aat cct cca aaa gga gct ttg aag aaa	1008
Glu Asp Gly Ala Tyr Val Asp Asn Pro Lys Gly Ala Leu Lys Lys	
325 330 335	
ctg ctt cat gct gct aag tta aat gct tct tta aca acc tta gaa gga	1056
Leu Leu His Ala Ala Lys Leu Asn Ala Ser Leu Thr Thr Leu Glu Gly	
340 345 350	
gaa aga aac caa att tat att cag tta tct gaa gtt gat aaa acc aag	1104
Glu Arg Asn Gln Ile Tyr Ile Gln Leu Ser Glu Val Asp Lys Thr Lys	
355 360 365	
gaa gag ctt aga ggg cat att aaa aat ctt cag acg gaa caa gta tct	1152
Glu Glu Leu Arg Gly His Ile Lys Asn Leu Gln Thr Glu Gln Val Ser	
370 375 380	
ttg cag ttg gaa aac aca cat ttt gaa agt gag aat cag aag ctt caa	1200
Leu Gln Leu Glu Asn Thr His Phe Glu Ser Glu Asn Gln Lys Leu Gln	
385 390 395 400	
gag aaa ctt aag gta atg aca gaa tta tat caa gaa aat gaa atg aaa	1248
asn lys leu lys val met thr glu leu tyr gln glu asn glu met lys	
405 410 415	
ctc tac agg aaa tta ata gta gag gaa aat aac cgg cta gag aaa gag	1296
Leu Tyr Arg Lys Leu Ile Val Glu Glu Asn Asn Arg Leu Glu Lys Glu	
420 425 430	
aaa ctt tct aaa gta gat gaa atg atc agc cat gct gct gaa gag ctg	1344
Lys Leu Ser Lys Val Asp Glu Met Ile Ser His Ala Ala Glu Glu Leu	
435 440 445	
gag acc tgc aga aag caa gca aac gat ctt gaa gaa gaa ttt cag aga	1392
Glu Thr Cys Arg Lys Gln Ala Asn Asp Leu Glu Glu Glu Phe Gln Arg	
450 455 460	
aaa aaa gat cct tat gca ctt gat gtt cca aat aca gca ttt ggc aga	1440
Lys Lys Asp Pro Tyr Ala Leu Asp Val Pro Asn Thr Ala Phe Gly Arg	
465 470 475 480	
gag cat tcc tca tat ggt ccc tca cca ttg ggt cgg cct tca tct gaa	1488
Glu His Ser Ser Tyr Gly Pro Ser Pro Leu Gly Arg Pro Ser Ser Glu	

05.10.04

XPs.ST25.txt
490

485															495															
atg	aga	gct	ttt	ctc	tat	ctt	cca	tct	ttg	ttg	gag	ggt	cca	ctg	aga	1536														
Met	Arg	Ala	Phe	Leu	Tyr	Leu	Pro	Ser	Leu	Leu	Glu	Gly	Pro	Leu	Arg															
			500					505					510																	
ctc	tca	cct	ttg	ctt	cca	ggg	gga	gga	gga	aga	ggc	cca	aga	ggc	cca	1584														
Leu	Ser	Pro	Leu	Leu	Pro	Gly	Gly	Gly	Gly	Arg	Gly	Pro	Arg	Gly	Pro															
		515					520					525																		
ggg	aat	cct	ctg	gac	cac	cag	att	acc	aag	gaa	aga	gga	gaa	tca	agc	1632														
Gly	Asn	Pro	Leu	Asp	His	Gln	Ile	Thr	Lys	Glu	Arg	Gly	Glu	Ser	Ser															
	530					535				540																				
tgt	gat	agg	ttt	acc	gat	cct	cac	agg	gct	cct	tct	gac	act	ggg	ttc	1680														
Cys	Asp	Arg	Phe	Thr	Asp	Pro	His	Arg	Ala	Pro	Ser	Asp	Thr	Gly	Phe															
545					550					555					560															
ctg	tca	cct	cca	tgg	gaa	cag	gac	tgt	agg	atg	atg	tct	cct	cca	cca	1728														
Leu	Ser	Pro	Pro	Trp	Glu	Gln	Asp	Cys	Arg	Met	Met	Ser	Pro	Pro	Pro															
				565					570					575																
gga	caa	tca	tat	cct	gat	tca	gct	ctt	cct	cca	caa	agg	caa	gac	aga	1776														
Gly	Gln	Ser	Tyr	Pro	Asp	Ser	Ala	Leu	Pro	Pro	Gln	Arg	Gln	Asp	Arg															
			580					585					590																	
ttt	tat	tct	aat	tat	gct	aga	cgc	tct	gga	cca	gca	gaa	ctc	aga	agt	1824														
Phe	Tyr	Ser	Asn	Tyr	Ala	Arg	Arg	Ser	Gly	Pro	Ala	Glu	Leu	Arg	Ser															
		595					600					605																		
ttt	aat	aag	cct	cct	ttg	gat	aaa	atg	gat	ggg	tca	atg	cct	tca	gaa	1872														
Phe	Asn	Lys	Pro	Pro	Leu	Asp	Lys	Met	Asp	Gly	Ser	Met	Pro	Ser	Glu															
	610					615					620																			
atg	gaa	tcc	agt	aga	aat	gat	acc	aaa	gat	aat	ctt	ggt	aat	tta	aat	1920														
Met	Glu	Ser	Ser	Arg	Asn	Asp	Thr	Lys	Asp	Asn	Leu	Gly	Asn	Leu	Asn															
625					630					635					640															
gtg	gct	gat	tca	tct	ctc	cct	gct	gga	aat	gaa	gtg	act	ggc	cct	ggc	1968														
Val	Ala	Asp	Ser	Ser	Leu	Pro	Ala	Gly	Asn	Glu	Val	Thr	Gly	Pro	Gly															
				645					650					655																
ttt	gtt	cct	cca	cct	ctt	gct	cca	atc	aga	ggt	cca	ttg	ttt	cca	gtg	2016														
Phe	Val	Pro	Pro	Pro	Leu	Ala	Pro	Ile	Arg	Gly	Pro	Leu	Phe	Pro	Val															
			660					665					670																	
at	atg	agg	ggc	ccg	ttc	atg	aga	aga	gga	cct	cct	ttt	cct	cca	cct	2064														
sp	Met	Arg	Gly	Pro	Phe	Met	Arg	Arg	Gly	Pro	Pro	Phe	Pro	Pro	Pro															
		675					680					685																		
cct	cca	gga	acc	atg	ttt	gga	gct	tct	cca	gat	tat	ttt	cca	cca	agg	2112														
Pro	Pro	Gly	Thr	Met	Phe	Gly	Ala	Ser	Pro	Asp	Tyr	Phe	Pro	Pro	Arg															
		690				695					700																			
gat	gtc	cca	gaa	aaa	att	caa	gaa	aac	tgc	gtc	ctt	gac	gag	gga	tat	2160														
Asp	Val	Pro	Glu	Lys	Ile	Gln	Glu	Asn	Cys	Val	Leu	Asp	Glu	Gly	Tyr															
705					710					715					720															
cta	ttg	ctt	gct	gga	gtg	aga	gca	gct	act	gca	tct	tct	gat	ctc	atc	2208														
Leu	Leu	Leu	Ala	Gly	Val	Arg	Ala	Ala	Thr	Ala	Ser	Ser	Asp	Leu	Ile															
				725					730					735																
att	agc	aat	gaa	act	ggt	aac	cca	ctt	cgg	caa	att	ggc	aga	ttg	agt	2256														
Ile	Ser	Asn	Glu	Thr	Gly	Asn	Pro	Leu	Arg	Gln	Ile	Gly	Arg	Leu	Ser															
			740					745					750																	
agg	gag	tat	gag	gag	caa	agt	gat	agc	ctt	tcc	ttt	atc	tgt	gct	cca	2304														
Arg	Glu	Tyr	Glu	Glu	Gln	Ser	Asp	Ser	Leu	Ser	Phe	Ile	Cys	Ala	Pro															

05.10.04

XPs.ST25.txt

755 760 765
gag tta aga gca ttt tca gct ttt ctt tgc agt att gct gca gtg cag 2352
Glu Leu Arg Ala Phe Ser Ala Phe Leu Cys Ser Ile Ala Ala Val Gln
770 775 780
cag tga 2358
Gln
785

<210> 112
<211> 785
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 112

Met Ile Thr Asn Thr Ile Asp Tyr Tyr Ser Gln Ser Leu Phe Gly Ser
1 5 10 15

Lys Arg His Arg Met His Lys Glu Glu Asp Ile Glu Leu Leu Pro Lys
20 25 30

Val Ser Ser Pro Tyr Cys Leu Leu Asn Leu Leu Leu Ile Val Ala Pro
35 40 45

Thr Ser Leu Gly Asn Cys Gly His Arg Gln Ser Ser Leu Gly Ala Met
50 55 60

Glu Ala Pro Arg Ala Thr Pro Gln Pro Tyr Trp Gly Leu Val Leu Glu
65 70 75 80

Glu Pro Arg Arg Val Met Ala Ala Leu Thr Glu Gly Arg Arg Pro Asp
85 90 95

Ser Asn Pro Tyr Gly Leu Pro Trp Glu Leu Val Ile Cys Ala Ala Val
100 105 110

Val Gly Phe Phe Ala Val Pro Phe Phe Leu Trp Arg Ser Phe Arg Ser
115 120 125

Val Arg Ser Arg Leu Tyr Val Gly Arg Glu Lys Lys Leu Ala Val Ala
130 135 140

Leu Ser Gly Leu Ile Glu Glu Lys Cys Arg Leu Leu Glu Lys Phe Ser
145 150 155 160

Leu Val Gln Lys Glu Tyr Glu Ser Tyr Glu Ile Glu Ser Ser Leu Asp
165 170 175

Asp Ser Ser Phe Glu Lys Glu Ala Thr Glu Ala Gln Ser Leu Glu Ala
180 185 190

Thr Cys Glu Lys Leu Ser Arg Ser Asn Ser Glu Leu Glu His Glu Ile
195 200 205

06.10.04

XPs.ST25.txt

Pro Cys Leu Glu Lys Glu Leu Lys Glu Glu Lys Ser Lys His Ser Glu
210 215 220

Gln Asp Glu Val Met Ala Asp Ile Ser Lys Arg Ile Gln Ser Leu Glu
225 230 235 240

Asp Glu Ser Lys Ser Leu Lys Ser His Val Ala Glu Ala Lys Met Thr
245 250 255

Phe Lys Arg Phe Gln Met Asn Glu Glu Arg Met Lys Ile Gly Ile Gln
260 265 270

Tyr Ala Leu Asn Glu Asn Ser Gln Leu Gln Glu Ser Gln Lys Gln Leu
275 280 285

Leu Gln Glu Ala Glu Ala Trp Lys Glu Gln Ala Ala Val Leu Glu Glu
290 295 300

Asp Ile Thr Asp Asp Gly Asn Leu Glu Leu Glu Met Asn Ser Glu Ser
305 310 315 320

Glu Asp Gly Ala Tyr Val Asp Asn Pro Pro Lys Gly Ala Leu Lys Lys
325 330 335

Leu Leu His Ala Ala Lys Leu Asn Ala Ser Leu Thr Thr Leu Glu Gly
340 345 350

Glu Arg Asn Gln Ile Tyr Ile Gln Leu Ser Glu Val Asp Lys Thr Lys
355 360 365

Glu Glu Leu Arg Gly His Ile Lys Asn Leu Gln Thr Glu Gln Val Ser
370 375 380

Leu Gln Leu Glu Asn Thr His Phe Glu Ser Glu Asn Gln Lys Leu Gln
385 390 395 400

Gln Lys Leu Lys Val Met Thr Glu Leu Tyr Gln Glu Asn Glu Met Lys
405 410 415

Leu Tyr Arg Lys Leu Ile Val Glu Glu Asn Asn Arg Leu Glu Lys Glu
420 425 430

Lys Leu Ser Lys Val Asp Glu Met Ile Ser His Ala Ala Glu Glu Leu
435 440 445

Glu Thr Cys Arg Lys Gln Ala Asn Asp Leu Glu Glu Glu Phe Gln Arg
450 455 460

Lys Lys Asp Pro Tyr Ala Leu Asp Val Pro Asn Thr Ala Phe Gly Arg
465 470 475 480

05.10.04

XPs.ST25.txt

Glu His Ser Ser Tyr Gly Pro Ser Pro Leu Gly Arg Pro Ser Ser Glu
485 490 495

Met Arg Ala Phe Leu Tyr Leu Pro Ser Leu Leu Glu Gly Pro Leu Arg
500 505 510

Leu Ser Pro Leu Leu Pro Gly Gly Gly Gly Arg Gly Pro Arg Gly Pro
515 520 525

Gly Asn Pro Leu Asp His Gln Ile Thr Lys Glu Arg Gly Glu Ser Ser
530 535 540

Cys Asp Arg Phe Thr Asp Pro His Arg Ala Pro Ser Asp Thr Gly Phe
545 550 555 560

Leu Ser Pro Pro Trp Glu Gln Asp Cys Arg Met Met Ser Pro Pro Pro
565 570 575

Gly Gln Ser Tyr Pro Asp Ser Ala Leu Pro Pro Gln Arg Gln Asp Arg
580 585 590

Phe Tyr Ser Asn Tyr Ala Arg Arg Ser Gly Pro Ala Glu Leu Arg Ser
595 600 605

Phe Asn Lys Pro Pro Leu Asp Lys Met Asp Gly Ser Met Pro Ser Glu
610 615 620

Met Glu Ser Ser Arg Asn Asp Thr Lys Asp Asn Leu Gly Asn Leu Asn
625 630 635 640

Val Ala Asp Ser Ser Leu Pro Ala Gly Asn Glu Val Thr Gly Pro Gly
645 650 655

Phe Val Pro Pro Pro Leu Ala Pro Ile Arg Gly Pro Leu Phe Pro Val
660 665 670

Asp Met Arg Gly Pro Phe Met Arg Arg Gly Pro Pro Phe Pro Pro Pro
675 680 685

Pro Pro Gly Thr Met Phe Gly Ala Ser Pro Asp Tyr Phe Pro Pro Arg
690 695 700

Asp Val Pro Glu Lys Ile Gln Glu Asn Cys Val Leu Asp Glu Gly Tyr
705 710 715 720

Leu Leu Leu Ala Gly Val Arg Ala Ala Thr Ala Ser Ser Asp Leu Ile
725 730 735

Ile Ser Asn Glu Thr Gly Asn Pro Leu Arg Gln Ile Gly Arg Leu Ser
740 745 750

05.10.04

XPs.ST25.txt

Arg Glu Tyr Glu Glu Gln Ser Asp Ser Leu Ser Phe Ile Cys Ala Pro
755 760 765

Glu Leu Arg Ala Phe Ser Ala Phe Leu Cys Ser Ile Ala Ala Val Gln
770 775 780

Gln
785

<210> 113
<211> 2565
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (364)..(2565)
<223>

<400> 113
ctgcgacgg taccggggcg gcggggaagg accgagaggc gggaggagca gcggctcagg 60
cgctgcaaa ctggtggcct gaacgaggta gaccatgact gtggtttcag tggcgctcact 120
cgctgggctg ctcttcctga ggttttccta agccatcccc tggcggaacc gccccagta 180
tggactccaa ttgccttgac agtgttttta gtggctgttg caacattatg taaagaacaa 240
ggaataacag ttgtaggaat ttgctgtgtg tatgaagtgt ttattgcca ggggtatact 300
ttgccattac tatgtactac tgctggacag tttctccgtg gaaagggtag cattccattt 360
tct atg ctg cag aca cta gta aaa ctc att gtc ttg atg ttc agt aca 408
Met Leu Gln Thr Leu Val Lys Leu Ile Val Leu Met Phe Ser Thr
1 5 10 15
tta tta ctt gtt gtg att aga gtc cag gtt att caa tcc caa ctt cca 456
Leu Leu Leu Val Val Ile Arg Val Gln Val Ile Gln Ser Gln Leu Pro
20 25 30
gta ttc acc agg ttt gat aac cca gct gct gta agc cca act cct aca 504
Val Phe Thr Arg Phe Asp Asn Pro Ala Ala Val Ser Pro Thr Pro Thr
35 40 45
agg caa cta act ttt aac tac ctc ctt cct gtg aat gct tgg ttg tta 552
Arg Gln Leu Thr Phe Asn Tyr Leu Leu Pro Val Asn Ala Trp Leu Leu
50 55 60
tta aat cct tca gag ctc tgc tgt gat tgg acc atg gga aca ata cca 600
Leu Asn Pro Ser Glu Leu Cys Cys Asp Trp Thr Met Gly Thr Ile Pro
65 70 75
ctt ata gag tca tta cta gat att cga aat ctg gcc aca ttt act ttc 648
Leu Ile Glu Ser Leu Leu Asp Ile Arg Asn Leu Ala Thr Phe Thr Phe
80 85 90 95
ttt tgt ttt ctg ggg atg ttg gga gta ttc agt atc aga tac tct ggt 696
Phe Cys Phe Leu Gly Met Leu Gly Val Phe Ser Ile Arg Tyr Ser Gly
100 105 110
gat tcc tcc aag act gtt tta atg ttg cct gct aaa act gac atg ggt 744
Asp Ser Ser Lys Thr Val Leu Met Leu Pro Ala Lys Thr Asp Met Gly
115 120 125

05.10.04

XPs.ST25.txt

caa	aaa	ttt	gag	aaa	agt	agt	gaa	gat	tca	aag	cag	tca	aga	aga	gtg	792
Gln	Lys	Phe	Glu	Lys	Ser	Ser	Glu	Asp	Ser	Lys	Gln	Ser	Arg	Arg	Val	
		130					135					140				
gaa	gga	act	ttc	cag	aga	aac	cta	gaa	atc	cca	aac	agt	ctt	aag	gat	840
Glu	Gly	Thr	Phe	Gln	Arg	Asn	Leu	Glu	Ile	Pro	Asn	Ser	Leu	Lys	Asp	
	145					150					155					
aaa	ttt	gaa	ctt	ggt	gct	cat	gct	ttt	atg	aca	gta	tta	atc	tgt	tca	888
Lys	Phe	Glu	Leu	Gly	Ala	His	Ala	Phe	Met	Thr	Val	Leu	Ile	Cys	Ser	
		160			165				170						175	
gct	ttg	gga	ctt	tct	cta	gca	gtg	cgt	tgc	cac	tct	gtt	gga	ttt	gtt	936
Ala	Leu	Gly	Leu	Ser	Leu	Ala	Val	Arg	Cys	His	Ser	Val	Gly	Phe	Val	
				180					185					190		
gtt	gcc	gag	cga	gta	tta	tat	gtt	ccc	agc	atg	ggg	ttc	tgt	att	ttg	984
Val	Ala	Glu	Arg	Val	Leu	Tyr	Val	Pro	Ser	Met	Gly	Phe	Cys	Ile	Leu	
			195					200					205			
gta	gcc	cat	gga	tgg	cag	aaa	ata	tca	aca	aaa	agt	gta	ttt	aaa	aag	1032
Val	Ala	His	Gly	Trp	Gln	Lys	Ile	Ser	Thr	Lys	Ser	Val	Phe	Lys	Lys	
		210					215					220				
gta	tcc	tgg	att	tgt	ctg	tct	atg	gtg	ata	ctc	act	cat	tcc	tta	aaa	1080
Leu	Ser	Trp	Ile	Cys	Leu	Ser	Met	Val	Ile	Leu	Thr	His	Ser	Leu	Lys	
	225					230					235					
aca	ttc	cac	aga	aat	tgg	gat	tgg	gag	tct	gaa	tat	aca	ttg	ttt	atg	1128
Thr	Phe	His	Arg	Asn	Trp	Asp	Trp	Glu	Ser	Glu	Tyr	Thr	Leu	Phe	Met	
					245				250						255	
tca	gcc	ttg	aag	gta	aat	aaa	aat	aat	gcc	aaa	ctt	tgg	aat	aat	gtg	1176
Ser	Ala	Leu	Lys	Val	Asn	Lys	Asn	Asn	Ala	Lys	Leu	Trp	Asn	Asn	Val	
				260					265					270		
ggt	cat	gct	ctg	gaa	aat	gaa	aag	aac	ttt	gag	aga	gct	ttg	aaa	tac	1224
Gly	His	Ala	Leu	Glu	Asn	Glu	Lys	Asn	Phe	Glu	Arg	Ala	Leu	Lys	Tyr	
			275					280					285			
ttc	tta	cag	gct	acc	cat	gtt	cag	cca	gat	gat	att	ggt	gcc	cat	atg	1272
Phe	Leu	Gln	Ala	Thr	His	Val	Gln	Pro	Asp	Asp	Ile	Gly	Ala	His	Met	
		290					295					300				
aat	gta	gga	aga	act	tat	aaa	aat	tta	aat	aga	acc	aaa	gaa	gct	gaa	1320
Asn	Val	Gly	Arg	Thr	Tyr	Lys	Asn	Leu	Asn	Arg	Thr	Lys	Glu	Ala	Glu	
		305				310					315					
gaa	tct	tac	atg	atg	gct	aaa	tca	ctg	atg	cct	caa	att	att	cct	ggt	1368
Glu	Ser	Tyr	Met	Met	Ala	Lys	Ser	Leu	Met	Pro	Gln	Ile	Ile	Pro	Gly	
					325					330					335	
aaa	aaa	tat	gca	gcc	aga	att	gcc	cct	aac	cac	cta	aat	gtt	tat	atc	1416
Lys	Lys	Tyr	Ala	Ala	Arg	Ile	Ala	Pro	Asn	His	Leu	Asn	Val	Tyr	Ile	
				340					345					350		
aat	ctg	gct	aac	ctg	atc	cga	gca	aat	gag	tcc	cga	ctg	gaa	gaa	gca	1464
Asn	Leu	Ala	Asn	Leu	Ile	Arg	Ala	Asn	Glu	Ser	Arg	Leu	Glu	Glu	Ala	
			355					360					365			
gat	cag	ctg	tac	cgt	caa	gca	ata	agc	atg	agg	ccc	gac	ttc	aag	cag	1512
Asp	Gln	Leu	Tyr	Arg	Gln	Ala	Ile	Ser	Met	Arg	Pro	Asp	Phe	Lys	Gln	
		370				375						380				
gct	tac	att	agc	aga	gga	gaa	ttg	ctt	tta	aaa	atg	aat	aaa	cct	ctt	1560
Ala	Tyr	Ile	Ser	Arg	Gly	Glu	Leu	Leu	Leu	Lys	Met	Asn	Lys	Pro	Leu	
		385				390					395					

aaa gca aag gaa gca tat ctt aaa gca cta gag ctg gac aga aat aat Lys Ala Lys Glu Ala Tyr Leu Lys Ala Leu Glu Leu Asp Arg Asn Asn 400 405 410 415	1608
gca gat ctt tgg tac aac ttg gca att gta cat att gaa ctt aaa gaa Ala Asp Leu Trp Tyr Asn Leu Ala Ile Val His Ile Glu Leu Lys Glu 420 425 430	1656
cca aat gaa gcc cta aaa aac ttt aat cgt gct ctg gaa cta aat cca Pro Asn Glu Ala Leu Lys Asn Phe Asn Arg Ala Leu Glu Leu Asn Pro 435 440 445	1704
aag cat aaa cta gca tta ttc aac tct gct ata gta atg caa gaa tca Lys His Lys Leu Ala Leu Phe Asn Ser Ala Ile Val Met Gln Glu Ser 450 455 460	1752
ggt gag gtt aaa ctc aga cct gaa gct aga aaa cga ctt cta agt tat Gly Glu Val Lys Leu Arg Pro Glu Ala Arg Lys Arg Leu Leu Ser Tyr 465 470 475	1800
ata aat gaa gag cca cta gat gct aat ggg tat ttc aat ttg gga atg Ile Asn Glu Glu Pro Leu Asp Ala Asn Gly Tyr Phe Asn Leu Gly Met 480 485 490 495	1848
ctt gcc atg gat gac aaa aag gac aat gaa gca gag att tgg atg aag Leu Ala Met Asp Asp Lys Lys Asp Asn Glu Ala Glu Ile Trp Met Lys 500 505 510	1896
aaa gcc ata aag tta caa gcc gac ttc cga agt gct ttg ttt aat ctg Lys Ala Ile Lys Leu Gln Ala Asp Phe Arg Ser Ala Leu Phe Asn Leu 515 520 525	1944
gct ctc ctg tat tcc cag act gca aag gaa tta aag gct ttg cca att Ala Leu Leu Tyr Ser Gln Thr Ala Lys Glu Leu Lys Ala Leu Pro Ile 530 535 540	1992
ttg gag gag tta ctc aga tac tac cct gat cat atc aag ggc ctc att Leu Glu Glu Leu Leu Arg Tyr Tyr Pro Asp His Ile Lys Gly Leu Ile 545 550 555	2040
tta aaa gga gac att ctg atg aat caa aag aaa gat ata cta gga gca Leu Lys Gly Asp Ile Leu Met Asn Gln Lys Lys Asp Ile Leu Gly Ala 560 565 570 575	2088
aa aaa tgt ttt gaa agg att ttg gag atg gat cca agc aat gtg caa Lys Lys Cys Phe Glu Arg Ile Leu Glu Met Asp Pro Ser Asn Val Gln 580 585 590	2136
gga aaa cac aat ctt tgt gtt gtt tat ttt gaa gaa aaa gac tta tta Gly Lys His Asn Leu Cys Val Val Tyr Phe Glu Glu Lys Asp Leu Leu 595 600 605	2184
aaa gct gaa aga tgc ctt ctt gaa aca ctg gca tta gca cca cat gaa Lys Ala Glu Arg Cys Leu Leu Glu Thr Leu Ala Leu Ala Pro His Glu 610 615 620	2232
gaa tat att cag cgc cat ttg aat ata gtc agg gat aag att tcc tca Glu Tyr Ile Gln Arg His Leu Asn Ile Val Arg Asp Lys Ile Ser Ser 625 630 635	2280
tct agt ttt ata gag cca ata ttc cca acc agt aag att tca agt gtg Ser Ser Phe Ile Glu Pro Ile Phe Pro Thr Ser Lys Ile Ser Ser Val 640 645 650 655	2328
gaa gga aag aaa att cca act gaa agt gta aaa gaa att aga ggt gaa Glu Gly Lys Lys Ile Pro Thr Glu Ser Val Lys Glu Ile Arg Gly Glu 660 665 670	2376

05.10.04

XPs.ST25.txt

tcc aga caa aca caa ata gta aaa aca agt gat aat aaa agt cag tct 2424
Ser Arg Gln Thr Gln Ile Val Lys Thr Ser Asp Asn Lys Ser Gln Ser
675 680 685

aaa tcc aac aaa caa tta gga aaa aat gga gac gaa gag aca ccc cac 2472
Lys Ser Asn Lys Gln Leu Gly Lys Asn Gly Asp Glu Glu Thr Pro His
690 695 700

aaa aca aca aaa gac atc aaa gaa att gag aag aaa aga gtt gct gct 2520
Lys Thr Thr Lys Asp Ile Lys Glu Ile Glu Lys Lys Arg Val Ala Ala
705 710 715

tta aaa aga cta gaa gag att gaa cgt att tta aat ggt gaa taa 2565
Leu Lys Arg Leu Glu Glu Ile Glu Arg Ile Leu Asn Gly Glu
720 725 730

<210> 114
<211> 733
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 114

Met Leu Gln Thr Leu Val Lys Leu Ile Val Leu Met Phe Ser Thr Leu
1 5 10 15

Leu Leu Val Val Ile Arg Val Gln Val Ile Gln Ser Gln Leu Pro Val
20 25 30

Phe Thr Arg Phe Asp Asn Pro Ala Ala Val Ser Pro Thr Pro Thr Arg
35 40 45

Gln Leu Thr Phe Asn Tyr Leu Leu Pro Val Asn Ala Trp Leu Leu Leu
50 55 60

Asn Pro Ser Glu Leu Cys Cys Asp Trp Thr Met Gly Thr Ile Pro Leu
65 70 75 80

Ile Glu Ser Leu Leu Asp Ile Arg Asn Leu Ala Thr Phe Thr Phe Phe
85 90 95

Cys Phe Leu Gly Met Leu Gly Val Phe Ser Ile Arg Tyr Ser Gly Asp
100 105 110

Ser Ser Lys Thr Val Leu Met Leu Pro Ala Lys Thr Asp Met Gly Gln
115 120 125

Lys Phe Glu Lys Ser Ser Glu Asp Ser Lys Gln Ser Arg Arg Val Glu
130 135 140

Gly Thr Phe Gln Arg Asn Leu Glu Ile Pro Asn Ser Leu Lys Asp Lys
145 150 155 160

Phe Glu Leu Gly Ala His Ala Phe Met Thr Val Leu Ile Cys Ser Ala
165 170 175

05.10.04

XP5.ST25.txt

Leu Gly Leu Ser Leu Ala Val Arg Cys His Ser Val Gly Phe Val Val
180 185 190

Ala Glu Arg Val Leu Tyr Val Pro Ser Met Gly Phe Cys Ile Leu Val
195 200 205

Ala His Gly Trp Gln Lys Ile Ser Thr Lys Ser Val Phe Lys Lys Leu
210 215 220

Ser Trp Ile Cys Leu Ser Met Val Ile Leu Thr His Ser Leu Lys Thr
225 230 235 240

Phe His Arg Asn Trp Asp Trp Glu Ser Glu Tyr Thr Leu Phe Met Ser
245 250 255

Ala Leu Lys Val Asn Lys Asn Asn Ala Lys Leu Trp Asn Asn Val Gly
260 265 270

His Ala Leu Glu Asn Glu Lys Asn Phe Glu Arg Ala Leu Lys Tyr Phe
275 280 285

Leu Gln Ala Thr His Val Gln Pro Asp Asp Ile Gly Ala His Met Asn
290 295 300

Val Gly Arg Thr Tyr Lys Asn Leu Asn Arg Thr Lys Glu Ala Glu Glu
305 310 315 320

Ser Tyr Met Met Ala Lys Ser Leu Met Pro Gln Ile Ile Pro Gly Lys
325 330 335

Lys Tyr Ala Ala Arg Ile Ala Pro Asn His Leu Asn Val Tyr Ile Asn
340 345 350

Leu Ala Asn Leu Ile Arg Ala Asn Glu Ser Arg Leu Glu Glu Ala Asp
355 360 365

Gln Leu Tyr Arg Gln Ala Ile Ser Met Arg Pro Asp Phe Lys Gln Ala
370 375 380

Tyr Ile Ser Arg Gly Glu Leu Leu Leu Lys Met Asn Lys Pro Leu Lys
385 390 395 400

Ala Lys Glu Ala Tyr Leu Lys Ala Leu Glu Leu Asp Arg Asn Asn Ala
405 410 415

Asp Leu Trp Tyr Asn Leu Ala Ile Val His Ile Glu Leu Lys Glu Pro
420 425 430

Asn Glu Ala Leu Lys Asn Phe Asn Arg Ala Leu Glu Leu Asn Pro Lys
435 440 445

08.10.04

XP.s.ST25.txt

His Lys Leu Ala Leu Phe Asn Ser Ala Ile Val Met Gln Glu Ser Gly
450 455 460

Glu Val Lys Leu Arg Pro Glu Ala Arg Lys Arg Leu Leu Ser Tyr Ile
465 470 475 480

Asn Glu Glu Pro Leu Asp Ala Asn Gly Tyr Phe Asn Leu Gly Met Leu
485 490 495

Ala Met Asp Asp Lys Lys Asp Asn Glu Ala Glu Ile Trp Met Lys Lys
500 505 510

Ala Ile Lys Leu Gln Ala Asp Phe Arg Ser Ala Leu Phe Asn Leu Ala
515 520 525

Leu Leu Tyr Ser Gln Thr Ala Lys Glu Leu Lys Ala Leu Pro Ile Leu
530 535 540

Glu Glu Leu Leu Arg Tyr Tyr Pro Asp His Ile Lys Gly Leu Ile Leu
545 550 555 560

Lys Gly Asp Ile Leu Met Asn Gln Lys Lys Asp Ile Leu Gly Ala Lys
565 570 575

Lys Cys Phe Glu Arg Ile Leu Glu Met Asp Pro Ser Asn Val Gln Gly
580 585 590

Lys His Asn Leu Cys Val Val Tyr Phe Glu Glu Lys Asp Leu Leu Lys
595 600 605

Ala Glu Arg Cys Leu Leu Glu Thr Leu Ala Leu Ala Pro His Glu Glu
610 615 620

Tyr Ile Gln Arg His Leu Asn Ile Val Arg Asp Lys Ile Ser Ser Ser
625 630 635 640

Ser Phe Ile Glu Pro Ile Phe Pro Thr Ser Lys Ile Ser Ser Val Glu
645 650 655

Gly Lys Lys Ile Pro Thr Glu Ser Val Lys Glu Ile Arg Gly Glu Ser
660 665 670

Arg Gln Thr Gln Ile Val Lys Thr Ser Asp Asn Lys Ser Gln Ser Lys
675 680 685

Ser Asn Lys Gln Leu Gly Lys Asn Gly Asp Glu Glu Thr Pro His Lys
690 695 700

Thr Thr Lys Asp Ile Lys Glu Ile Glu Lys Lys Arg Val Ala Ala Leu
705 710 715 720

05.10.04

XPs.ST25.txt

Lys Arg Leu Glu Glu Ile Glu Arg Ile Leu Asn Gly Glu
725 730

<210> 115
<211> 1230
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (368)..(847)
<223>

<400> 115
aggggcagag gggctctccc aaccctaccc ctatttttcgg tgatttttgt gtgagaatat 60
taatattaaa aataaacgga gaaaaaaaaat cctgttttcgc taacggctgg tggtagcagg 120
ttgagtaccg ggagggtctgc aagaccgtga ttgatgggga ggactgca gaccctggcg 180
agggtgagcc cctccccgga ggcgcctgtg gaatgtccag ggctctggtc cgctcctcgg 240
atgggggggt gcctaatacct agagccgcat tccaggataa ggggggtggg gagaggctgg 300
gccgggggag gggcaggaaa gagggctata agggcagcgg cccaggcggg cgggatccag 360
gcggggcc atg gcg gat gtc ccc ggg gca cag cga gcg gtt cct ggt gac 409
Met Ala Asp Val Pro Gly Ala Gln Arg Ala Val Pro Gly Asp
1 5 10
ggc cca gag ccc cgg gac ccc ctg gac tgt tgg gcc tgc gct gtt ctt 457
Gly Pro Glu Pro Arg Asp Pro Leu Asp Cys Trp Ala Cys Ala Val Leu
15 20 25 30
gta aca gcc cag aat ctg ctg gtg gct gcc ttc aat ctt ctc ctg ctg 505
Val Thr Ala Gln Asn Leu Leu Val Ala Ala Phe Asn Leu Leu Leu Leu
35 40 45
gtg ctg gtg cta ggg acc atc ttg cta ccc gct gtc acc atg ctg ggc 553
Val Leu Val Leu Gly Thr Ile Leu Leu Pro Ala Val Thr Met Leu Gly
50 55 60
ttc ggc ttc ctc tgc cac tct cag ttc ctg cgc tcc cag gca ccc cct 601
Phe Gly Phe Leu Cys His Ser Gln Phe Leu Arg Ser Gln Ala Pro Pro
65 70 75
tgc acc gcg cac ctg cgg gac ccc ggt ttc acg gcc cta ctg gtc acc 649
Cys Thr Ala His Leu Arg Asp Pro Gly Phe Thr Ala Leu Leu Val Thr
80 85 90
gga ttc ctg ctc ctc gtg ccg ctg ctc gtg ctt gct ctg gcc agc tac 697
Gly Phe Leu Leu Leu Val Pro Leu Leu Val Leu Ala Leu Ala Ser Tyr
95 100 105 110
cgc cgc ctc tgc ctg cgc ctc cgc cta gcc gat tgc ctc gtg ccc tac 745
Arg Arg Leu Cys Leu Arg Leu Arg Leu Ala Asp Cys Leu Val Pro Tyr
115 120 125
agc cga gcc ctt tat cgg cgt cgg cgc gcc ccg cag ccg cgg caa atc 793
Ser Arg Ala Leu Tyr Arg Arg Arg Arg Ala Pro Gln Pro Arg Gln Ile
130 135 140
cgg gcc tca cca ggg tcc cag gcc gtt ccc aca tca gga aag gtc tgg 841
Arg Ala Ser Pro Gly Ser Gln Ala Val Pro Thr Ser Gly Lys Val Trp
145 150 155

05.10.04

XPs.ST25.txt

gtc taa tgaccctcga gtcaagaaca accctgacgg ctgccctccc tcttattcgg 897
Val

cccaaggact tgaagcccgg catcttccga cctgccctgc cccacccct gcctgagcgg 957
agtcctagca tccccttggg agcagcagcg tcagtggacc cagtgtgag aaaagccccc 1017
acatcccga aaaccactt tcctttcacg acccacatct caatcctgaa catctaggct 1077
ggaacctgca cacctcccc tcagctccgt cgtgaatggg acaacaatct cgtgccctcg 1137
ttttatggtg cagcttctct agtatttctg gggctggggg gcggggctgg aggggaagga 1197
gtgtccacgc atcaataaag atttaacgaa ctg 1230

<210> 116
<211> 159
<212> PRT
<213> Homo sapiens.

<400> 116

Met Ala Asp Val Pro Gly Ala Gln Arg Ala Val Pro Gly Asp Gly Pro
5 10 15

Glu Pro Arg Asp Pro Leu Asp Cys Trp Ala Cys Ala Val Leu Val Thr
20 25 30

Ala Gln Asn Leu Leu Val Ala Ala Phe Asn Leu Leu Leu Leu Val Leu
35 40 45

Val Leu Gly Thr Ile Leu Leu Pro Ala Val Thr Met Leu Gly Phe Gly
50 55 60

Phe Leu Cys His Ser Gln Phe Leu Arg Ser Gln Ala Pro Pro Cys Thr
65 70 75 80

Ala His Leu Arg Asp Pro Gly Phe Thr Ala Leu Leu Val Thr Gly Phe
85 90 95

Leu Leu Leu Val Pro Leu Leu Val Leu Ala Leu Ala Ser Tyr Arg Arg
100 105 110

Leu Cys Leu Arg Leu Arg Leu Ala Asp Cys Leu Val Pro Tyr Ser Arg
115 120 125

Ala Leu Tyr Arg Arg Arg Arg Ala Pro Gln Pro Arg Gln Ile Arg Ala
130 135 140

Ser Pro Gly Ser Gln Ala Val Pro Thr Ser Gly Lys Val Trp Val
145 150 155

<210> 117
<211> 1020
<212> DNA
<213> Homo sapiens



XPs.ST25.txt

```
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1020)
<223>

<400> 117
atg gag gag gag gag gag gat gat gac tat gag aac tca aca cct ccc      48
Met Glu Glu Glu Glu Glu Asp Asp Asp Tyr Glu Asn Ser Thr Pro Pro
1 5 10 15

tac aag gac ctt cct ccc aag cca ggg acc atg gag gag gag gag gag      96
Tyr Lys Asp Leu Pro Pro Lys Pro Gly Thr Met Glu Glu Glu Glu Glu
20 25 30

gat gat gac tat gag aac tca aca cct ccc tac aag gac ctt cct ccc      144
Asp Asp Asp Tyr Glu Asn Ser Thr Pro Pro Tyr Lys Asp Leu Pro Pro
35 40 45

aag cca ggg acc atg gag gag gag gag gag gat gat gac tat gag aac      192
Lys Pro Gly Thr Met Glu Glu Glu Glu Glu Asp Asp Asp Tyr Glu Asn
50 55 60

aca aca cct ccc tac aag gac ctt cct ccc aag cca ggt tca agt gct      240
Ser Thr Pro Pro Tyr Lys Asp Leu Pro Pro Lys Pro Gly Ser Ser Ala
65 70 75 80

cca cca aga cct cca agg gca gca aag gaa aca gag aaa ccc cca ctt      288
Pro Pro Arg Pro Pro Arg Ala Ala Lys Glu Thr Glu Lys Pro Pro Leu
85 90 95

cct tgc aag ccc cgg aac atg aca ggc ctg gac ctc gcc gct gtc acc      336
Pro Cys Lys Pro Arg Asn Met Thr Gly Leu Asp Leu Ala Ala Val Thr
100 105 110

tgt cca cct cct caa ctg gct gtg aat ctt gag cct tct cca ttg cag      384
Cys Pro Pro Pro Gln Leu Ala Val Asn Leu Glu Pro Ser Pro Leu Gln
115 120 125

cca tcc ctg gcc gca act cca gtc ccc tgg ctc aat cag agg tct gga      432
Pro Ser Leu Ala Ala Thr Pro Val Pro Trp Leu Asn Gln Arg Ser Gly
130 135 140

ggt cct ggc tgc tgc cag aag agg tgg atg gtg tac ctg tgt ctg ctg      480
Gly Pro Gly Cys Cys Gln Lys Arg Trp Met Val Tyr Leu Cys Leu Leu
145 150 155 160

atg gtg act tcc ctg ttc ctg ggc tgc ctt ggt ctc act gtg acc ctg      528
Val Val Thr Ser Leu Phe Leu Gly Cys Leu Gly Leu Thr Val Thr Leu
165 170 175

att aag ttg act ggc atg gca ggg cta gct ggc ctg aag cat gac att      576
Ile Lys Leu Thr Gly Met Ala Gly Leu Ala Gly Leu Lys His Asp Ile
180 185 190

gcc cgt gta aga gct gac acc aac cag tcc ctg gtg gaa ctt tgg ggc      624
Ala Arg Val Arg Ala Asp Thr Asn Gln Ser Leu Val Glu Leu Trp Gly
195 200 205

tta tta gac tgc cgc cga att acc tgt cct gaa ggc tgg ctg ccc ttt      672
Leu Leu Asp Cys Arg Arg Ile Thr Cys Pro Glu Gly Trp Leu Pro Phe
210 215 220

gag ggc aag tgt tac tac ttc tcc cca agc acc aag tca tgg gat gag      720
Glu Gly Lys Cys Tyr Tyr Phe Ser Pro Ser Thr Lys Ser Trp Asp Glu
225 230 235 240

gcc cgg atg ttc tgc cag gag aat tac tct cac ttg gtc atc atc aat      768
```

06.10.04

XPs.ST25.txt																
Ala	Arg	Met	Phe	Cys 245	Gln	Glu	Asn	Tyr	Ser 250	His	Leu	Val	Ile	Ile 255	Asn	
agc Ser	ttt Phe	gct Ala	gag Glu 260	cac His	aat Asn	ttt Phe	gtg Val	gcc Ala 265	aag Lys	gcc Ala	cat His	ggc Gly	tct Ser 270	cca Pro	cgg Arg	816
gtg Val	tac Tyr	tgg Trp 275	ctg Leu	ggg Gly	ctg Leu	aat Asn	gac Asp 280	agg Arg	gcc Ala	cag Gln	gaa Glu	ggg Gly 285	gac Asp	tgg Trp	agg Arg	864
tgg Trp 290	ctg Leu	gat Asp	ggg Gly	tct Ser	cct Pro	gtg Val 295	aca Thr	tta Leu	agg Arg	caa Gln	cca Pro 300	gag Glu	gaa Glu	ccc Pro	aat Asn	912
aac Asn 305	atc Ile	cac His	gat Asp	gag Glu	gac Asp 310	tgt Cys	gct Ala	acc Thr	atg Met	aac Asn 315	aaa Lys	ggt Gly	ggc Gly	acc Thr	tgg Trp 320	960
aat Asn	gat Asp	ctc Leu	tct Ser	tgc Cys 325	tac Tyr	aaa Lys	act Thr	acg Thr	tat Tyr 330	tgg Trp	att Ile	tgt Cys	gag Glu	cgg Arg 335	aaa Lys	1008
gtg Val 340	tcc Ser	tgt Cys	tga Glu 345	gac Asp 350	gag Glu 355	gac Asp 360	gac Asp 365	gac Asp 370	gac Asp 375	gac Asp 380	gac Asp 385	gac Asp 390	gac Asp 395	gac Asp 400	gac Asp 405	1020

<210>	118
<211>	339
<212>	PRT
<213>	Homo sapiens

<400> 118

Met Glu Glu Glu Glu Glu Asp Asp Asp Tyr Glu Asn Ser Thr Pro Pro
1 5 10 15

Tyr Lys Asp Leu Pro Pro Lys Pro Gly Thr Met Glu Glu Glu Glu Glu
20 25 30

Asp Asp Asp Tyr Glu Asn Ser Thr Pro Pro Tyr Lys Asp Leu Pro Pro
35 40 45

ys Pro Gly Thr Met Glu Glu Glu Glu Glu Asp Asp Asp Tyr Glu Asn
50 55 60

Ser Thr Pro Pro Tyr Lys Asp Leu Pro Pro Lys Pro Gly Ser Ser Ala
65 70 75 80

Pro Pro Arg Pro Pro Arg Ala Ala Lys Glu Thr Glu Lys Pro Pro Leu
85 90 95

Pro Cys Lys Pro Arg Asn Met Thr Gly Leu Asp Leu Ala Ala Val Thr
100 105 110

Cys Pro Pro Pro Gln Leu Ala Val Asn Leu Glu Pro Ser Pro Leu Gln
115 120 125

Pro Ser Leu Ala Ala Thr Pro Val Pro Trp Leu Asn Gln Arg Ser Gly
Seite 185

08.10.04

130

135

XPs.ST25.txt
140

Gly Pro Gly Cys Cys Gln Lys Arg Trp Met Val Tyr Leu Cys Leu Leu
145 150 155 160

Val Val Thr Ser Leu Phe Leu Gly Cys Leu Gly Leu Thr Val Thr Leu
165 170 175

Ile Lys Leu Thr Gly Met Ala Gly Leu Ala Gly Leu Lys His Asp Ile
180 185 190

Ala Arg Val Arg Ala Asp Thr Asn Gln Ser Leu Val Glu Leu Trp Gly
195 200 205

Leu Leu Asp Cys Arg Arg Ile Thr Cys Pro Glu Gly Trp Leu Pro Phe
210 215 220

Glu Gly Lys Cys Tyr Tyr Phe Ser Pro Ser Thr Lys Ser Trp Asp Glu
225 230 235 240

Ala Arg Met Phe Cys Gln Glu Asn Tyr Ser His Leu Val Ile Ile Asn
245 250 255

Ser Phe Ala Glu His Asn Phe Val Ala Lys Ala His Gly Ser Pro Arg
260 265 270

Val Tyr Trp Leu Gly Leu Asn Asp Arg Ala Gln Glu Gly Asp Trp Arg
275 280 285

Trp Leu Asp Gly Ser Pro Val Thr Leu Arg Gln Pro Glu Glu Pro Asn
290 295 300

Asn Ile His Asp Glu Asp Cys Ala Thr Met Asn Lys Gly Gly Thr Trp
305 310 315 320

Asn Asp Leu Ser Cys Tyr Lys Thr Thr Tyr Trp Ile Cys Glu Arg Lys
325 330 335

Cys Ser Cys

<210> 119
<211> 1680
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1680)
<223>

<400> 119
atg gcc aat gtc acc ttg gtg aca gga ttt ctt ctt atg ggg ttt tct
Met Ala Asn Val Thr Leu Val Thr Gly Phe Leu Leu Met Gly Phe Ser
Seite 186

05.10.04

XPs.ST25.txt																
1	5				10				15							
aat atc cag aag ctg cgg att tta tat ggt gtg ctc ttc cta ctg att	Asn Ile Gln Lys 20	Leu Arg Ile Leu 25	Gly Val Leu Phe 30	Leu Ile Thr												96
tac ctg gca gcc cta atg agt aac ctt ctc atc att act ctc att acc	Tyr Leu Ala 35	Leu Met Ser Asn 40	Leu Ile Thr 45													144
ctg gac gta aag ctc caa aca ccc atg tac ttc ttc ctg aag aac tta	Leu Asp 50	Val Lys Leu Gln Thr 55	Pro Met Tyr Phe Phe 60	Leu Lys Asn Leu												192
tcc ttt ttg gat gtc ttc ctg gtg tct gtt cca atc cca aaa ttc att	Ser Phe Leu Asp Val 70	Phe Leu Val Ser Val 75	Pro Ile Pro Lys Phe 80	Ile												240
gtc aac aac cta acc cac aac aat tcc att tcc att cta gga tgt gcc	Val Asn Asn Leu Thr 85	His Asn Asn Ser Ile 90	Ser Ile Leu Gly Cys 95	Ala												288
ttc cag cta ctt tta atg act tcc ttc tca gca gga gag ata ttt atc	Phe Gln Leu Leu 100	Leu Met Thr Ser Phe 105	Ser Ala Gly Glu Ile 110	Phe Ile												336
ctc act gcc atg tcc tat gac cgc tat gta gcc atc tgc tgt ccc ctg	Leu Thr Ala Met Ser Tyr Asp Arg Tyr Val Ala Ile Cys Cys Pro Leu	115	120	125												384
aac tac gag gta atc atg aat act gga gtc tgt gtg tta atg gca agt	Asn Tyr Glu Val Ile Met Asn Thr Gly Val Cys Val Leu Met Ala Ser	130	135	140												432
gtt tcc tgg gcc att gga ggg ctc ttt ggt act gcg tac aca gct ggc	Val Ser Trp Ala Ile Gly 150	Gly Leu Phe Gly Thr 155	Ala Tyr Thr Ala Gly 160													480
aca ttt tcc atg cct ttc tgt ggc tcc agt gtg att cca cag ttt ttc	Thr Phe Ser Met Pro 165	Phe Cys Gly Ser Val Ile Pro Gln Phe 175														528
tgt gat gtt cct tca tta cta agg att tcc tgt tct gaa aca cta atg	Cys Asp Val Pro Ser Leu Leu Arg Ile Ser Cys Ser Glu Thr 190															576
cta att tat gca ggt att gga gtt ggt gca tgt tta agc att tct tgt	Ala Ile Tyr Ala Gly Ile Gly Val Gly Ala Cys Leu Ser Ile Ser Cys	195	200	205												624
ttc atc tgt att gtg atc tct tac att tat atc ttc tcc act gta ctg	Phe Ile Cys Ile Val Ile Ser Tyr Ile Tyr Ile Phe Ser Thr Val Leu	210	215	220												672
aag atc cct acc act aaa gga ctg tgt gat tgg gtt aaa ggg ctc agt	Lys Ile Pro Thr Thr Lys Gly Leu Cys Asp Trp Val Lys Gly Leu Ser 240	225	230	235												720
gcg ggg act ctg ttt tct ggt ttc agt acc aca atg gac aca ggc aac	Ala Gly Thr Leu Phe Ser Gly Phe Ser Thr Thr Met Asp Thr Gly Asn	245	250	255												768
aaa act ctg ccc cag gac ttt ctc tta ctg ggc ttt cct ggt tct caa	Lys Thr Leu Pro Gln Asp Phe Leu Leu Gly Phe Pro Gly Ser Gln	260	265	270												816
act ctt cag ctc tct ctc ttt atg ctt ttt ctg gtg atg tac atc ctc	Thr Leu Gln Leu Ser Leu Phe Met Leu Phe Leu Val Met Tyr Ile Leu															864

05.10.04

XPs.ST25.txt

275	280	285	
aca gtt agt ggt aat gtg gct atc ttg atg ttg gtg agc acc tcc cat Thr Val Ser Gly Asn Val Ala Ile Leu Met Leu Val Ser Thr Ser His 290 295 300			912
cag ttg cat acc ccc atg tac ttc ttt ctg agc aac ctc tcc ttc ctg Gln Leu His Thr Pro Met Tyr Phe Phe Leu Ser Asn Leu Ser Phe Leu 305 310 315 320			960
gag att tgg tat acc aca gca gca gtg ccc aaa gca ctg gcc atc cta Glu Ile Trp Tyr Thr Thr Ala Ala Val Pro Lys Ala Leu Ala Ile Leu 325 330 335			1008
ctg ggg aga agt cag acc ata tca ttt aca agc tgt ctt ttg cag atg Leu Gly Arg Ser Gln Thr Ile Ser Phe Thr Ser Cys Leu Leu Gln Met 340 345 350			1056
tac ttt gtt ttc tca tta ggc tgc aca gag tac ttc ctc ctg gca gcc Tyr Phe Val Phe Ser Leu Gly Cys Thr Glu Tyr Phe Leu Leu Ala Ala 355 360 365			1104
ctg gct tat gac cgc tgt ctt gcc atc tgc tat cct tta cac tac gga Ala Tyr Asp Arg Cys Leu Ala Ile Cys Tyr Pro Leu His Tyr Gly 370 375 380			1152
gcc atc atg agt agc ctg ctc tca gcg cag ctg gcc ctg ggc tcc tgg Ala Ile Met Ser Ser Leu Leu Ser Ala Gln Leu Ala Leu Gly Ser Trp 385 390 395 400			1200
gtg tgt ggt ttc gtg gcc att gca gtg ccc aca gcc ctc atc agt ggc Val Cys Gly Phe Val Ala Ile Ala Val Pro Thr Ala Leu Ile Ser Gly 405 410 415			1248
ctg tcc ttc tgt ggc ccc cgt gcc atc aac cac ttc ttc tgt gac att Leu Ser Phe Cys Gly Pro Arg Ala Ile Asn His Phe Phe Cys Asp Ile 420 425 430			1296
gca ccc tgg att gcc ctg gcc tgc acc aac aca cag gca gta gag ctt Ala Pro Trp Ile Ala Leu Ala Cys Thr Asn Thr Gln Ala Val Glu Leu 435 440 445			1344
gtg gcc ttt gtg att gct gtt gtg gtt atc ctg agt tca tgc ctc atc Val Ala Phe Val Ile Ala Val Val Ile Leu Ser Ser Cys Leu Ile 450 455 460			1392
ctc ttt gtc tcc tat gtg tac atc atc agc acc atc ctc agg atc ccc Thr Phe Val Ser Tyr Val Tyr Ile Ile Ser Thr Ile Leu Arg Ile Pro 465 470 475 480			1440
tct gcc agt ggc cgg agc aaa gcc ttc tcc acg tgc tcc tcg cat ctc Ser Ala Ser Gly Arg Ser Lys Ala Phe Ser Thr Cys Ser Ser His Leu 485 490 495			1488
acc gtg gtg ctc att tgg tat ggg tcc aca gtt ttc ctt cac gtc cgc Thr Val Val Leu Ile Trp Tyr Gly Ser Thr Val Phe Leu His Val Arg 500 505 510			1536
acc tct atc aaa gat gcc ttg gat ctg atc aaa gct gtc cac gtc ctg Thr Ser Ile Lys Asp Ala Leu Asp Leu Ile Lys Ala Val His Val Leu 515 520 525			1584
aac act gtg gtg act cca gtt tta aac ccc ttc atc tat acg ctt cgt Asn Thr Val Val Thr Pro Val Leu Asn Pro Phe Ile Tyr Thr Leu Arg 530 535 540			1632
aat aag gaa gta aga gag act ctg ctg aag aaa tgg aag gga aaa taa Asn Lys Glu Val Arg Glu Thr Leu Leu Lys Lys Trp Lys Gly Lys 1680			

06.10.04

XP_S.ST25.txt
555

545

550

<210> 120
<211> 559
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 120

Met Ala Asn Val Thr Leu Val Thr Gly Phe Leu Leu Met Gly Phe Ser
1 5 10 15

Asn Ile Gln Lys Leu Arg Ile Leu Tyr Gly Val Leu Phe Leu Leu Ile
20 25 30

Tyr Leu Ala Ala Leu Met Ser Asn Leu Leu Ile Ile Thr Leu Ile Thr
35 40 45

Leu Asp Val Lys Leu Gln Thr Pro Met Tyr Phe Phe Leu Lys Asn Leu
50 55 60

Ser Phe Leu Asp Val Phe Leu Val Ser Val Pro Ile Pro Lys Phe Ile
65 70 75 80

Val Asn Asn Leu Thr His Asn Asn Ser Ile Ser Ile Leu Gly Cys Ala
85 90 95

Phe Gln Leu Leu Leu Met Thr Ser Phe Ser Ala Gly Glu Ile Phe Ile
100 105 110

Leu Thr Ala Met Ser Tyr Asp Arg Tyr Val Ala Ile Cys Cys Pro Leu
115 120 125

Asn Tyr Glu Val Ile Met Asn Thr Gly Val Cys Val Leu Met Ala Ser
130 135 140

Val Ser Trp Ala Ile Gly Gly Leu Phe Gly Thr Ala Tyr Thr Ala Gly
145 150 155 160

Thr Phe Ser Met Pro Phe Cys Gly Ser Ser Val Ile Pro Gln Phe Phe
165 170 175

Cys Asp Val Pro Ser Leu Leu Arg Ile Ser Cys Ser Glu Thr Leu Met
180 185 190

Val Ile Tyr Ala Gly Ile Gly Val Gly Ala Cys Leu Ser Ile Ser Cys
195 200 205

Phe Ile Cys Ile Val Ile Ser Tyr Ile Tyr Ile Phe Ser Thr Val Leu
210 215 220

Lys Ile Pro Thr Thr Lys Gly Leu Cys Asp Trp Val Lys Gly Leu Ser
225 230 235 240

08.10.04

XP5.ST25.txt

Ala Gly Thr Leu Phe Ser Gly Phe Ser Thr Thr Met Asp Thr Gly Asn
245 250 255

Lys Thr Leu Pro Gln Asp Phe Leu Leu Leu Gly Phe Pro Gly Ser Gln
260 265 270

Thr Leu Gln Leu Ser Leu Phe Met Leu Phe Leu Val Met Tyr Ile Leu
275 280 285

Thr Val Ser Gly Asn Val Ala Ile Leu Met Leu Val Ser Thr Ser His
290 295 300

Gln Leu His Thr Pro Met Tyr Phe Phe Leu Ser Asn Leu Ser Phe Leu
305 310 315 320

Glu Ile Trp Tyr Thr Thr Ala Ala Val Pro Lys Ala Leu Ala Ile Leu
325 330 335

Leu Gly Arg Ser Gln Thr Ile Ser Phe Thr Ser Cys Leu Leu Gln Met
340 345 350

Tyr Phe Val Phe Ser Leu Gly Cys Thr Glu Tyr Phe Leu Leu Ala Ala
355 360 365

Met Ala Tyr Asp Arg Cys Leu Ala Ile Cys Tyr Pro Leu His Tyr Gly
370 375 380

Ala Ile Met Ser Ser Leu Leu Ser Ala Gln Leu Ala Leu Gly Ser Trp
385 390 395 400

Val Cys Gly Phe Val Ala Ile Ala Val Pro Thr Ala Leu Ile Ser Gly
405 410 415

Leu Ser Phe Cys Gly Pro Arg Ala Ile Asn His Phe Phe Cys Asp Ile
420 425 430

Ala Pro Trp Ile Ala Leu Ala Cys Thr Asn Thr Gln Ala Val Glu Leu
435 440 445

Val Ala Phe Val Ile Ala Val Val Val Ile Leu Ser Ser Cys Leu Ile
450 455 460

Thr Phe Val Ser Tyr Val Tyr Ile Ile Ser Thr Ile Leu Arg Ile Pro
465 470 475 480

Ser Ala Ser Gly Arg Ser Lys Ala Phe Ser Thr Cys Ser Ser His Leu
485 490 495

Thr Val Val Leu Ile Trp Tyr Gly Ser Thr Val Phe Leu His Val Arg
500 505 510

XP5.ST25.txt

Thr Ser Ile Lys Asp Ala Leu Asp Leu Ile Lys Ala Val His Val Leu
515 520 525

Asn Thr Val Val Thr Pro Val Leu Asn Pro Phe Ile Tyr Thr Leu Arg
530 535 540

Asn Lys Glu Val Arg Glu Thr Leu Leu Lys Lys Trp Lys Gly Lys
545 550 555

<210>	121
<211>	3296
<212>	DNA
<213>	Homo sapiens

```
<220>
<221> CDS
<222> (668)..(1708)
<223>
```

00> 121	gaattcaaa	acagttactc	tgaatggctc	ttgctaagaa	caattttaatg	attaagtaag	60
gtcagtggtcc	ttggaagtcc	aaactctagc	cagattttccc	tgggtctacac	ccctaggggat		120
aaggtaaatg	tttaagcaca	cagtgaactt	cctgagggcc	ccaaatctaa	tggaactagc		180
tattgagggc	taaaagagga	tggttttttt	agaaaactcg	aagcaaactct	ctcaggctgg		240
ggatattttca	aagactacta	ctattattat	taataacaat	tgcaatatatt	gttgagtccc		300
taaatgaagc	taaaactttg	ttctaataaa	tttaatcttt	acagcaacct	atgaggtaga		360
taatattgtc	attcccatga	gggagctaag	gatcagagaa	ggtaagtcac	ttgtctaagg		420
tcacatagct	agcatgttat	gcaatcagga	gtcaaacctg	gtttgtctga	atctgaagtc		480
catctgctct	gtgcactttt	ataccgtctg	ctttttcctt	tattcctaac	cttcttccat		540
tctgattccc	actgagtagt	ggacaggaac	cactgaagtt	tgcctgacac	catcaaccag		600
ccctagtgca	cctggcctttg	cctttgccct	gctgtgtgat	cttagctccc	tgcccaggcc		660
acagcc	atg gcc atg gcc	aaa ctc agc cac	ctc ctg ccg agt ctg				709
	Met Ala Met Ala	Gln Lys Leu Ser His	Leu Leu Pro Ser Leu				
	1	5	10				
cgg cag gtc atc cag gag cct cag cta tct ctg cag cca gag cct gtc							757
Arg Gln Val Ile Gln Glu Pro Gln Leu Ser Leu Gln Pro Glu Pro Val							
15	20	25	30				
ttc acg gtg gat cga gct gag gtg ccg ccg ctc ttc tgg aag ccg tac							805
Phe Thr Val Asp Arg Ala Glu Val Pro Pro Leu Phe Trp Lys Pro Tyr							
	35	40	45				
atc tat gcg ggc tac cgg ccg ctg cat cag acc tgg cgc ttc tat ttc							853
Ile Tyr Ala Gly Tyr Arg Pro Leu His Gln Thr Trp Arg Phe Tyr Phe							
	50	55	60				
cgc acg ctg ttc cag cag cac aac gag gcc gtg aat gtc tgg acc cac							901
Arg Thr Leu Phe Gln Gln His Asn Glu Ala Val Asn Val Trp Thr His							
	65	70	75				
ctg ctg gcg gcc ctg gta ctg ctg ctg cgg ctg gcc ctc ttt gtg gag							949

Seite 191

05.10.04

XPs.ST25.txt

Leu	Leu	Ala	Ala	Leu	Val	Leu	Leu	Leu	Arg	Leu	Ala	Leu	Phe	Val	Glu	
80						85				90						
acc	gtg	gac	ttc	tgg	gga	gac	cca	cac	gcc	ctg	ccc	ctc	ttc	atc	att	997
Thr	Val	Asp	Phe	Trp	Gly	Asp	Pro	His	Ala	Leu	Pro	Leu	Phe	Ile	Ile	
95					100					105					110	
gtc	ctt	gcc	tct	ttc	acc	tac	ctc	tcc	ttc	agt	gcc	ttg	gct	cac	ctc	1045
Val	Leu	Ala	Ser	Phe	Thr	Tyr	Leu	Ser	Phe	Ser	Ala	Leu	Ala	His	Leu	
				115						120				125		
ctg	cag	gcc	aag	tct	gag	ttc	tgg	cat	tac	agc	ttc	ttc	ttc	ctg	gac	1093
Leu	Gln	Ala	Lys	Ser	Glu	Phe	Trp	His	Tyr	Ser	Phe	Phe	Phe	Leu	Asp	
			130					135					140			
tat	gtg	ggg	gtg	gcc	gtg	tac	cag	ttt	ggc	agt	gcc	ttg	gca	cac	ttc	1141
Tyr	Val	Gly	Val	Ala	Val	Tyr	Gln	Phe	Gly	Ser	Ala	Leu	Ala	His	Phe	
		145					150					155				
tac	tat	gct	atc	gag	ccc	gcc	tgg	cat	gcc	cag	gtg	cag	gct	gtt	ttt	1189
Tyr	Tyr	Ala	Ile	Glu	Pro	Ala	Trp	His	Ala	Gln	Val	Gln	Ala	Val	Phe	
		160				165					170					
g	ccc	atg	gct	gcc	ttt	ctc	gcc	tgg	ctt	tcc	tgc	att	ggc	tcc	tgc	1237
u	Pro	Met	Ala	Ala	Phe	Leu	Ala	Trp	Leu	Ser	Cys	Ile	Gly	Ser	Cys	
75					180					185					190	
tat	aac	aag	tac	atc	cag	aaa	cca	ggc	ctg	ctg	ggc	cgc	aca	tgc	cag	1285
Tyr	Asn	Lys	Tyr	Ile	Gln	Lys	Pro	Gly	Leu	Leu	Gly	Arg	Thr	Cys	Gln	
				195					200					205		
gag	gtg	ccc	tcc	gtc	ctg	gcc	tac	gca	ctg	gac	att	agt	cct	gtg	gtg	1333
Glu	Val	Pro	Ser	Val	Leu	Ala	Tyr	Ala	Leu	Asp	Ile	Ser	Pro	Val	Val	
				210				215					220			
cat	cgt	atc	ttc	gtg	tcc	tcc	gac	ccc	acc	acg	gat	gat	cca	gct	ctt	1381
His	Arg	Ile	Phe	Val	Ser	Ser	Asp	Pro	Thr	Thr	Asp	Asp	Pro	Ala	Leu	
		225					230					235				
ctc	tac	cac	aag	tgc	cag	gtg	gtc	ttc	ttt	ctg	ctg	gct	gct	gcc	ttc	1429
Leu	Tyr	His	Lys	Cys	Gln	Val	Val	Phe	Phe	Leu	Leu	Ala	Ala	Ala	Phe	
		240				245					250					
ttc	tct	acc	ttc	atg	ccc	gag	cgc	tgg	ttc	cct	ggc	agc	tgc	cat	gtc	1477
Phe	Ser	Thr	Phe	Met	Pro	Glu	Arg	Trp	Phe	Pro	Gly	Ser	Cys	His	Val	
255					260					265					270	
tc	ggg	cag	ggc	cac	caa	ctt	ttc	cac	atc	ttc	ttg	gtg	ctg	tgc	acg	1525
Phe	Gly	Gln	Gly	His	Gln	Leu	Phe	His	Ile	Phe	Leu	Val	Leu	Cys	Thr	
				275					280					285		
ctg	gct	cag	ctg	gag	gct	gtg	gca	ctg	gac	tat	gag	gcc	cga	cgg	ccc	1573
Leu	Ala	Gln	Leu	Glu	Ala	Val	Ala	Leu	Asp	Tyr	Glu	Ala	Arg	Arg	Pro	
				290				295					300			
atc	tat	gag	cct	ctg	cac	acg	cac	tgg	cct	cac	aac	ttt	tct	ggc	ctc	1621
Ile	Tyr	Glu	Pro	Leu	His	Thr	His	Trp	Pro	His	Asn	Phe	Ser	Gly	Leu	
		305					310					315				
ttc	ctg	ctc	acg	gtg	ggc	agc	agc	atc	ctc	act	gca	ttc	ctc	ctg	agc	1669
Phe	Leu	Leu	Thr	Val	Gly	Ser	Ser	Ile	Leu	Thr	Ala	Phe	Leu	Leu	Ser	
		320				325					330					
cag	ctg	gta	cag	cgc	aaa	ctt	gat	cag	aag	acc	aag	tga	aggggg	gatgg		1718
Gln	Leu	Val	Gln	Arg	Lys	Leu	Asp	Gln	Lys	Thr	Lys					
335					340					345						
catctggtag	ggaggggaggt	atagttgggg	gacagggggtc	tgggtttggc	tccaggtggg											1778

05.10.04

XPS.ST25.txt

```

aacaaggcct ggtaaagttg tttgtgtctg gcccacagtg actctctgtg cacgactcaa 1838
ctgccaaggg catcactggc caattcttgg atttagggat tggctaggag ttgctggggg 1898
ccactcctgg gcctgcccc gctccttgcc caggagagag gaaagagtta acggtgtggg 1958
ccactccagc ttgcccttcc actgccactc actgggggtga ggctgggggt cagcttggtg 2018
aggattgggg cttctagatt gtctaggcag gaggtgaaac ttaggccaga gtcagatttg 2078
agctgagcca ggggaggcct tggcaaccta cttctactca gatttcattg ctggatgcgg 2138
aaggggtagg cccaaaatat atacaggatc ttactgtccc ttgaagccca gccacaagtg 2198
ttggagctgc agagagaccc caaaggtagt agattgtgcc agatacaaat ggggtcccatc 2258
cagtgccttc tactccttca gtcactatcc cagacagtga gccccagatc tcctagctct 2318
ggcttctgtg tcccacacgg cctgttccca gcttctctcc tggttccctt gttacggatt 2378
catttatcca ttcagtgttt cctgggcctc tgctcagagg caggtcacca ctggggcctg 2438
gatcaatg caagatgaca aaggcttttt tttttttttt tttttttttt ttttttgagg 2498
gttttcgtc ttgttggtta ggctggagta aaatggtgcg atctcggctc actgcacctc 2558
cgctcccag gttcaagcga ttttcctgcc tcagcctccc gagtagctgg ggttacaggc 2618
atgcaccacc atgcctggct aattttctgt attttttagta gagacggggg ttctccatgt 2678
tggtcaggct ggtcttgaac tcctgacctc aggtgatctg cccgtctcgg cctcccaaag 2738
tgctgggatt accggcatga gccactgcgc ctggccgaca aaggctttga tatcagaatg 2798
aactgtcaag ggaggtgctg gagagggatt aacctgtgct gcctgggacc ctcaggggtc 2858
taggttgggg agtgtgaata ggagtttgca gatggagaat aggaagggca ttccaggcag 2918
agggaaacct gtgcagagac caagaggtgt ggaaggaaaa gtgggggttg ggctgggtgg 2978
tctggattat ggcctggatg caataaagta ctgtgacagt agccacctct ttgttttttg 3038
tctcctgttt ccgggagggg cccctgctca cattactgga ggttttccgg aggaagctgg 3098
ggccctggg agtggacaca ggggtgcagg agcagttctt gttttatctt tgctggggga 3158
gggggttggg gccttatata ccatatctat atatacaaaa tttgtttggc aagggagtgg 3218
gcggcagttt tattactaaa gttttataag tagttaaaat aatgtgttta aaatatgata 3278
atcccacttt atgatctg 3296

```

```

<210> 122
<211> 346
<212> PRT
<213> Homo sapiens

```

<400> 122

Met Ala Met Ala Gln Lys Leu Ser His Leu Leu Pro Ser Leu Arg Gln
1 5 10 15

Val Ile Gln Glu Pro Gln Leu Ser Leu Gln Pro Glu Pro Val Phe Thr
20 25 30

08.10.04

XPs.ST25.txt

Val Asp Arg Ala Glu Val Pro Pro Leu Phe Trp Lys Pro Tyr Ile Tyr
35 40 45

Ala Gly Tyr Arg Pro Leu His Gln Thr Trp Arg Phe Tyr Phe Arg Thr
50 55 60

Leu Phe Gln Gln His Asn Glu Ala Val Asn Val Trp Thr His Leu Leu
65 70 75 80

Ala Ala Leu Val Leu Leu Leu Arg Leu Ala Leu Phe Val Glu Thr Val
85 90 95

Asp Phe Trp Gly Asp Pro His Ala Leu Pro Leu Phe Ile Ile Val Leu
100 105 110

Ala Ser Phe Thr Tyr Leu Ser Phe Ser Ala Leu Ala His Leu Leu Gln
115 120 125

Ala Lys Ser Glu Phe Trp His Tyr Ser Phe Phe Phe Leu Asp Tyr Val
130 135 140

Gly Val Ala Val Tyr Gln Phe Gly Ser Ala Leu Ala His Phe Tyr Tyr
145 150 155 160

Ala Ile Glu Pro Ala Trp His Ala Gln Val Gln Ala Val Phe Leu Pro
165 170 175

Met Ala Ala Phe Leu Ala Trp Leu Ser Cys Ile Gly Ser Cys Tyr Asn
180 185 190

Lys Tyr Ile Gln Lys Pro Gly Leu Leu Gly Arg Thr Cys Gln Glu Val
195 200 205

Pro Ser Val Leu Ala Tyr Ala Leu Asp Ile Ser Pro Val Val His Arg
210 215 220

Ile Phe Val Ser Ser Asp Pro Thr Thr Asp Asp Pro Ala Leu Leu Tyr
225 230 235 240

His Lys Cys Gln Val Val Phe Phe Leu Leu Ala Ala Ala Phe Phe Ser
245 250 255

Thr Phe Met Pro Glu Arg Trp Phe Pro Gly Ser Cys His Val Phe Gly
260 265 270

Gln Gly His Gln Leu Phe His Ile Phe Leu Val Leu Cys Thr Leu Ala
275 280 285

Gln Leu Glu Ala Val Ala Leu Asp Tyr Glu Ala Arg Arg Pro Ile Tyr
290 295 300

05.10.04

XPs.ST25.txt

Glu Pro Leu His Thr His Trp Pro His Asn Phe Ser Gly Leu Phe Leu
305 310 315 320

Leu Thr Val Gly Ser Ser Ile Leu Thr Ala Phe Leu Leu Ser Gln Leu
325 330 335

Val Gln Arg Lys Leu Asp Gln Lys Thr Lys
340 345

<210> 123
<211> 2858
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (252)..(1757)
<223>

<224> 123
gtggcgggg aagcaaagca caggagcgct gtggtgccag cggccgggct agggacgact 60
ggcggtttg cgctggaccc gaccccgagg gcgggcgcaa gggggcgggc gctgccgtac 120
tcaggccgcg gggccagggc gggccggccg gcggggcatt taaaccccg c tgacagccag 180
tccagccccg gacacgcgcc cagctctgta gcctcctccg tcgactcagc cttaggtacc 240
ggtcaggcaa a atg cgg tcc tcc ctg gct ccg gga gtc tgg ttc ttc cgg 290
Met Arg Ser Ser Leu Ala Pro Gly Val Trp Phe Phe Arg
1 5 10
gcc ttc tcc agg gac agc tgg ttc cga ggc ctc atc ctg ctg ctg acc 338
Ala Phe Ser Arg Asp Ser Trp Phe Arg Gly Leu Ile Leu Leu Leu Thr
15 20 25
ttc cta att tac gcc tgc tat cac atg tcc agg aag cct atc agt atc 386
Phe Leu Ile Tyr Ala Cys Tyr His Met Ser Arg Lys Pro Ile Ser Ile
30 35 40 45
gtc aag agc cgt ctg cac cag aac tgc tgc gag cag atc aaa ccc atc 434
Val Lys Ser Arg Leu His Gln Asn Cys Ser Glu Gln Ile Lys Pro Ile
50 55 60
aat gat act cac agt ctc aat gac acc atg tgg tgc agc tgg gcc cca 482
Asn Asp Thr His Ser Leu Asn Asp Thr Met Trp Cys Ser Trp Ala Pro
65 70 75
ttt gac aag gac aac tat aag gag tta cta ggg ggc gtg gac aac gcc 530
Phe Asp Lys Asp Asn Tyr Lys Glu Leu Leu Gly Gly Val Asp Asn Ala
80 85 90
ttc ctc atc gcc tat gcc atc ggc atg ttc atc agt ggg gtt ttt ggg 578
Phe Leu Ile Ala Tyr Ala Ile Gly Met Phe Ile Ser Gly Val Phe Gly
95 100 105
gag cgg ctt ccg ctc cgt tac tac ctc tca gct gga atg ctg ctc agt 626
Glu Arg Leu Pro Leu Arg Tyr Tyr Leu Ser Ala Gly Met Leu Leu Ser
110 115 120 125
ggc ctt ttc acc tcg ctc ttt ggc ctg gga tat ttc tgg aac atc cac 674
Gly Leu Phe Thr Ser Leu Phe Gly Leu Gly Tyr Phe Trp Asn Ile His
130 135 140

05.10.04

XPs.ST25.txt

gag ctc tgg tac ttt gtg gtc atc cag gtc tgt aat gga ctc gtc cag Glu Leu Trp Tyr Phe Val Val Ile Gln Val Cys Asn Gly Leu Val Gln 145 150 155	722
acc aca ggc tgg ccc tct gtg gtg acc tgt gtt ggc aac tgg ttc ggg Thr Thr Gly Trp Pro Ser Val Val Thr Cys Val Gly Asn Trp Phe Gly 160 165 170	770
aag ggg aag cgg ggg ttc atc atg ggc atc tgg aat tcc cac aca tct Lys Gly Lys Arg Gly Phe Ile Met Gly Ile Trp Asn Ser His Thr Ser 175 180 185	818
gtg ggc aac atc ctg ggc tcc ctg atc gcc ggc atc tgg gtg aac ggg Val Gly Asn Ile Leu Gly Ser Leu Ile Ala Gly Ile Trp Val Asn Gly 190 195 200 205	866
cag tgg ggc ctg tgg ttc atc gtg cct ggc atc att act gcc gtc atg Gln Trp Gly Leu Ser Phe Ile Val Pro Gly Ile Ile Thr Ala Val Met 210 215 220	914
ggc gtc atc acc ttc ctc ttc ctc atc gaa cac cca gaa gat gtg gac Gly Val Ile Thr Phe Leu Phe Leu Ile Glu His Pro Glu Asp Val Asp 225 230 235	962
c ccc cct cct cag cac cac ggt gag cca gct gag aac cag gac aac Cys Ala Pro Pro Gln His His Gly Glu Pro Ala Glu Asn Gln Asp Asn 240 245 250	1010
cct gag gac cct ggg aac agt ccc tgc tct atc agg gag agc ggc ctt Pro Glu Asp Pro Gly Asn Ser Pro Cys Ser Ile Arg Glu Ser Gly Leu 255 260 265	1058
gag act gtg gcc aaa tgc tcc aag ggg cca tgc gaa gag cct gct gcc Glu Thr Val Ala Lys Cys Ser Lys Gly Pro Cys Glu Glu Pro Ala Ala 270 275 280 285	1106
atc agc ttc ttt ggg gcg ctc cgg atc cca ggc gtg gtc gag ttc tct Ile Ser Phe Phe Gly Ala Leu Arg Ile Pro Gly Val Val Glu Phe Ser 290 295 300	1154
ctg tgt ctg ctg ttt gcc aag ctg gtc agt tac acc ttc ctc tac tgg Leu Cys Leu Leu Phe Ala Lys Leu Val Ser Tyr Thr Phe Leu Tyr Trp 305 310 315	1202
ctg ccc ctc tac atc gcc aat gtg gct cac ttt agt gcc aag gag gct Leu Pro Leu Tyr Ile Ala Asn Val Ala His Phe Ser Ala Lys Glu Ala 320 325 330	1250
ggg gac ctg tct aca ctc ttc gat gtt ggt ggc atc ata ggc ggc atc Gly Asp Leu Ser Thr Leu Phe Asp Val Gly Gly Ile Ile Gly Gly Ile 335 340 345	1298
gtg gca ggg ctc gtc tct gac tac acc aat ggc agg gcc acc act tgc Val Ala Gly Leu Val Ser Asp Tyr Thr Asn Gly Arg Ala Thr Thr Cys 350 355 360 365	1346
tgt gtc atg ctc atc ttg gct gcc ccc atg atg ttc ctg tac aac tac Cys Val Met Leu Ile Leu Ala Ala Pro Met Met Phe Leu Tyr Asn Tyr 370 375 380	1394
att ggc cag gac ggg att gcc agc tcc ata gtg atg ctg atc atc tgt Ile Gly Gln Asp Gly Ile Ala Ser Ser Ile Val Met Leu Ile Ile Cys 385 390 395	1442
ggg ggc ctg gtc aat ggc cca tac gcg ctc atc acc act gct gtc tct Gly Gly Leu Val Asn Gly Pro Tyr Ala Leu Ile Thr Thr Ala Val Ser 400 405 410	1490

08.10.04

XP5.ST25.txt

gct gat ctg ggg act cac aag agc ctg aag ggc aac gcc aaa gcc ctg Ala Asp Leu Gly Thr His Lys Ser Leu Lys Gly Asn Ala Lys Ala Leu 415 420 425	1538
tcc acg gtc acg gcc atc att gac ggc acc ggc tcc ata ggt gcg gct Ser Thr Val Thr Ala Ile Ile Asp Gly Thr Gly Ser Ile Gly Ala Ala 430 435 440 445	1586
ctg ggg cct ctg ctg gct ggg ctc atc tcc ccc acg ggc tgg aac aat Leu Gly Pro Leu Leu Ala Gly Leu Ile Ser Pro Thr Gly Trp Asn Asn 450 455 460	1634
gtc ttc tac atg ctc atc tct gcc gac gtc cta gcc tgc ttg ctc ctt Val Phe Tyr Met Leu Ile Ser Ala Asp Val Leu Ala Cys Leu Leu Leu 465 470 475	1682
tgc cgg tta gta tac aaa gag atc ttg gcc tgg aag gtg tcc ctg agc Cys Arg Leu Val Tyr Lys Glu Ile Leu Ala Trp Lys Val Ser Leu Ser 480 485 490	1730
aga ggc agc ggg tat aaa gaa ata tga ggccccaatt ggaacagcag Arg Gly Ser Gly Tyr Lys Glu Ile 495 500	1777
ctggagggt ccagttggg tcccaacgt gctcccatg ggcaagacaa tggaaacttc	1837
cacaagcagg gaaggcaaac cctctttatt gaacattagc cagcccagcc cagaccccag	1897
ggctgcctaa ggacacagag attctccatg ggaaggggac tgccaagcat gaggaaatag	1957
aagattcagg ggcctgagct ctggaagctg caagcaaaag ggatgggact agggctgagt	2017
tgtgtctcca ttttgataag gaaaggatat gctcagactc ttgcttggtc agattccaag	2077
acagaaggct tcacaaggcc aacgcctgga aaatgggcat ctctccttcc catgttaagc	2137
tttaacctct gtaatctgcc tgtatctata ggtgggcata tcaactccacc aaaggagccc	2197
agcctctctt tgtccctcta tccatgcaac agtcttctct gtgcatttcc ccaagctggg	2257
ccctcttcta ctctccattt aggcctgttg ataactccat taccgcccc tcaactgctgt	2317
tcctccaggg ccagcactcg ggcgaggcag gggagctgcc ttcggtacat aatttgaagg	2377
ggcactccct cttgggcaca tgccggccct gagtgcctcc cttgcctcac tctgatcctg	2437
cccataat gtcctcagtg gaagggtgatg ggggccggtg ctgtggggag agtagaaaga	2497
ggggttggca tgactaaaaa taccagtatg tgtattaagt attttgagaa tgaaatgcc	2557
aggagtgcct actatatgcc agctctagga atggagtaga cagtggacac aagaaggact	2617
tacgccctga gcacaggtgc caatggtgac aagactggca agacgtgagg gcatgaatgg	2677
ttcattcagg cagctgctgc agatgtggtc acctggtgcc atctgctgct cccttttcca	2737
cttttctatg tcctccttcc accccaagtc ccggatcact cgctgttttc tggctagctc	2797
ttggcatctc catctgagcc taaagttgcc cactggcacc aatagattct gtttgacctg	2857
c	2858

<210> 124
<211> 501
<212> PRT
<213> Homo sapiens

05.10.04

XPs.ST25.txt

<400> 124

Met Arg Ser Ser Leu Ala Pro Gly Val Trp Phe Phe Arg Ala Phe Ser
1 5 10 15

Arg Asp Ser Trp Phe Arg Gly Leu Ile Leu Leu Leu Thr Phe Leu Ile
20 25 30

Tyr Ala Cys Tyr His Met Ser Arg Lys Pro Ile Ser Ile Val Lys Ser
35 40 45

Arg Leu His Gln Asn Cys Ser Glu Gln Ile Lys Pro Ile Asn Asp Thr
50 55 60

His Ser Leu Asn Asp Thr Met Trp Cys Ser Trp Ala Pro Phe Asp Lys
65 70 75 80

Asp Asn Tyr Lys Glu Leu Leu Gly Gly Val Asp Asn Ala Phe Leu Ile
85 90 95

Ala Tyr Ala Ile Gly Met Phe Ile Ser Gly Val Phe Gly Glu Arg Leu
100 105 110

Pro Leu Arg Tyr Tyr Leu Ser Ala Gly Met Leu Leu Ser Gly Leu Phe
115 120 125

Thr Ser Leu Phe Gly Leu Gly Tyr Phe Trp Asn Ile His Glu Leu Trp
130 135 140

Tyr Phe Val Val Ile Gln Val Cys Asn Gly Leu Val Gln Thr Thr Gly
145 150 155 160

Trp Pro Ser Val Val Thr Cys Val Gly Asn Trp Phe Gly Lys Gly Lys
165 170 175

Arg Gly Phe Ile Met Gly Ile Trp Asn Ser His Thr Ser Val Gly Asn
180 185 190

Ile Leu Gly Ser Leu Ile Ala Gly Ile Trp Val Asn Gly Gln Trp Gly
195 200 205

Leu Ser Phe Ile Val Pro Gly Ile Ile Thr Ala Val Met Gly Val Ile
210 215 220

Thr Phe Leu Phe Leu Ile Glu His Pro Glu Asp Val Asp Cys Ala Pro
225 230 235 240

Pro Gln His His Gly Glu Pro Ala Glu Asn Gln Asp Asn Pro Glu Asp
245 250 255

Pro Gly Asn Ser Pro Cys Ser Ile Arg Glu Ser Gly Leu Glu Thr Val
260 265 270

05.10.04

XP.s.ST25.txt

Ala Lys Cys Ser Lys Gly Pro Cys Glu Glu Pro Ala Ala Ile Ser Phe
275 280 285

Phe Gly Ala Leu Arg Ile Pro Gly Val Val Glu Phe Ser Leu Cys Leu
290 295 300

Leu Phe Ala Lys Leu Val Ser Tyr Thr Phe Leu Tyr Trp Leu Pro Leu
305 310 315 320

Tyr Ile Ala Asn Val Ala His Phe Ser Ala Lys Glu Ala Gly Asp Leu
325 330 335

Ser Thr Leu Phe Asp Val Gly Gly Ile Ile Gly Gly Ile Val Ala Gly
340 345 350

Leu Val Ser Asp Tyr Thr Asn Gly Arg Ala Thr Thr Cys Cys Val Met
355 360 365

Leu Ile Leu Ala Ala Pro Met Met Phe Leu Tyr Asn Tyr Ile Gly Gln
370 375 380

Asp Gly Ile Ala Ser Ser Ile Val Met Leu Ile Ile Cys Gly Gly Leu
385 390 395 400

Val Asn Gly Pro Tyr Ala Leu Ile Thr Thr Ala Val Ser Ala Asp Leu
405 410 415

Gly Thr His Lys Ser Leu Lys Gly Asn Ala Lys Ala Leu Ser Thr Val
420 425 430

Thr Ala Ile Ile Asp Gly Thr Gly Ser Ile Gly Ala Ala Leu Gly Pro
435 440 445

Leu Leu Ala Gly Leu Ile Ser Pro Thr Gly Trp Asn Asn Val Phe Tyr
450 455 460

Met Leu Ile Ser Ala Asp Val Leu Ala Cys Leu Leu Leu Cys Arg Leu
465 470 475 480

Val Tyr Lys Glu Ile Leu Ala Trp Lys Val Ser Leu Ser Arg Gly Ser
485 490 495

Gly Tyr Lys Glu Ile
500

<210> 125
<211> 1338
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>



XP5.ST25.txt

<221> CDS
<222> (1)..(1338)
<223>

<400> 125
atg cgg cag ctg tgc cgg ggc cgc gtg ctg ggc atc tcg gtg gcc atc 48
Met Arg Gln Leu Cys Arg Gly Arg Val Leu Gly Ile Ser Val Ala Ile
1 5 10 15
gcg cac ggg gtc ttc tcg ggc tcc ctc aac atc ttg ctc aag ttc ctc 96
Ala His Gly Val Phe Ser Gly Ser Leu Asn Ile Leu Leu Lys Phe Leu
20 25 30
atc agc cgc tac cag ttc tcc ttc ctc acc ctg gtg cag tgc ctg acc 144
Ile Ser Arg Tyr Gln Phe Ser Phe Leu Thr Leu Val Gln Cys Leu Thr
35 40 45
agc tcc acc gcg gcg ctg agc ctg gag ctg ctg cgg cgc ctc ggg ctc 192
Ser Ser Thr Ala Ala Leu Ser Leu Glu Leu Leu Arg Arg Leu Gly Leu
50 55 60
atc gcc gtg ccc ccc ttc ggt ctg agc ctg gcg cgc tcc ttc gcg ggg 240
Ile Ala Val Pro Pro Phe Gly Leu Ser Leu Ala Arg Ser Phe Ala Gly
70 75 80
gtc gcg gtg ctc tcc acg ctg cag tcc agc ctc acg ctc tgg tcc ctg 288
Val Ala Val Leu Ser Thr Leu Gln Ser Ser Leu Thr Leu Trp Ser Leu
85 90 95
cgc gcc ctc agc ctg ccc atg tac gtg gtc ttc aag cgc tgc ctg ccc 336
Arg Gly Leu Ser Leu Pro Met Tyr Val Val Phe Lys Arg Cys Leu Pro
100 105 110
ctg gtc acc atg ctc atc ggc gtc ctg gtg ctc aag aac ggc gcg ccc 384
Leu Val Thr Met Leu Ile Gly Val Leu Val Leu Lys Asn Gly Ala Pro
115 120 125
tcg cca ggg gtg ctg gcg gcg gtg ctc atc acc acc tgc ggc gcc gcc 432
Ser Pro Gly Val Leu Ala Ala Val Leu Ile Thr Thr Cys Gly Ala Ala
130 135 140
ctg gca gga gcc ggc gac ctg acg ggc gac ccc atc ggg tac gtc acg 480
Leu Ala Gly Ala Gly Asp Leu Thr Gly Asp Pro Ile Gly Tyr Val Thr
145 150 155 160
gca gtg ctg gcg gtg ctg gtg cac gct gcc tac ctg gtg ctc atc cag 528
y Val Leu Ala Val Leu Val His Ala Tyr Leu Val Leu Ile Gln
165 170 175
aag gcc agc gca gac acc gag cac ggg ccg ctc acc gcg cag tac gtc 576
Lys Ala Ser Ala Asp Thr Glu His Gly Pro Leu Thr Ala Gln Tyr Val
180 185 190
atc gcc gtc tct gcc acc ccg ctg ctg gtc atc tgc tcc ttc gcc agc 624
Ile Ala Val Ser Ala Thr Pro Leu Leu Val Ile Cys Ser Phe Ala Ser
195 200 205
acc gac tcc atc cac gcc tgg acc ttc ccg ggc tgg aag gac ccg gcc 672
Thr Asp Ser Ile His Ala Trp Thr Phe Pro Gly Trp Lys Asp Pro Ala
210 215 220
atg gtc tgc atc ttc gtg gcc tgc atc ctg atc ggc tgc gcc atg aac 720
Met Val Cys Ile Phe Val Ala Cys Ile Leu Ile Gly Cys Ala Met Asn
225 230 235 240
ttc acc acg ctg cac tgc acc tac atc aat tcg gcc gtg acc acc agc 768
Phe Thr Thr Leu His Cys Thr Tyr Ile Asn Ser Ala Val Thr Thr Ser
245 250 255

05.10.04

XPS.ST25.txt

ttc gtg ggt gtg gtg aag agc atc gcc acc atc acg gtg ggc atg gtg Phe Val Gly Val Val Lys Ser Ile Ala Thr Ile Thr Val Gly Met Val 260 265 270	816
gcc ttc agc gac gtg gag ccc acc tct ctg ttc att gcc ggc gtg gtg Ala Phe Ser Asp Val Glu Pro Thr Ser Leu Phe Ile Ala Gly Val Val 275 280 285	864
gtg aac acc ctg ggc tct atc att tac tgt gtg gcc aag ttc atg gag Val Asn Thr Leu Gly Ser Ile Ile Tyr Cys Val Ala Lys Phe Met Glu 290 295 300	912
acc aga aag caa agc aac tac gag gac ctg gag gcc cag cct cgg gga Thr Arg Lys Gln Ser Asn Tyr Glu Asp Leu Glu Ala Gln Pro Arg Gly 305 310 315 320	960
gag gag gcg cag cta agt gga gac cag ctg ccg ttc gtg atg gag gag Glu Glu Ala Gln Leu Ser Gly Asp Gln Leu Pro Phe Val Met Glu Glu 325 330 335	1008
ctg ccc ggg gag gga gga aat ggc cgg tca gaa gaa tgt gga aaa gtc Leu Pro Gly Glu Gly Gly Asn Gly Arg Arg Ser Glu Glu Cys Gly Lys Val 340 345 350	1056
att gtt att aaa aca tca ccc ctt ttc cgt ccc act atg caa aac tca Ile Val Ile Lys Thr Ser Pro Leu Phe Arg Pro Thr Met Gln Asn Ser 355 360 365	1104
tat gct gag tgg aga ctt acc ctg gaa aat gtt aca acc aat gca aag Tyr Ala Glu Trp Arg Leu Thr Thr Leu Glu Asn Val Thr Thr Asn Ala Lys 370 375 380	1152
ttg gtt gtc tgc cca ttt gtc acc gcc ccc aac cct cca ccc acc aat Leu Val Val Cys Pro Phe Val Thr Ala Pro Asn Pro Pro Pro Thr Asn 385 390 395 400	1200
tct tcc ttg cac tca gaa ctc cag att tat tca gtc cca cag ccc aac Ser Ser Leu His Ser Glu Leu Gln Ile Tyr Ser Val Pro Gln Pro Asn 405 410 415	1248
cgt ggc tgt ggc aat ggc cca gcc atg aca atg ctc cag cgg aca tca Arg Gly Cys Gly Asn Gly Pro Ala Met Thr Met Leu Gln Arg Thr Ser 420 425 430	1296
ag cat aga cag aaa gaa act ggg gcc ctg atc atc ctt tga Leu His Arg Gln Lys Glu Thr Gly Ala Leu Ile Ile Leu 435 440 445	1338

<210> 126
<211> 445
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 126

Met Arg Gln Leu Cys Arg Gly Arg Val Leu Gly Ile Ser Val Ala Ile
1 5 10 15

Ala His Gly Val Phe Ser Gly Ser Leu Asn Ile Leu Leu Lys Phe Leu
20 25 30

Ile Ser Arg Tyr Gln Phe Ser Phe Leu Thr Leu Val Gln Cys Leu Thr
35 40 45

05.10.04

XPs.ST25.txt

Ser Ser Thr Ala Ala Leu Ser Leu Glu Leu Leu Arg Arg Leu Gly Leu
50 55 60

Ile Ala Val Pro Pro Phe Gly Leu Ser Leu Ala Arg Ser Phe Ala Gly
65 70 75 80

Val Ala Val Leu Ser Thr Leu Gln Ser Ser Leu Thr Leu Trp Ser Leu
85 90 95

Arg Gly Leu Ser Leu Pro Met Tyr Val Val Phe Lys Arg Cys Leu Pro
100 105 110

Leu Val Thr Met Leu Ile Gly Val Leu Val Leu Lys Asn Gly Ala Pro
115 120 125

Ser Pro Gly Val Leu Ala Ala Val Leu Ile Thr Thr Cys Gly Ala Ala
130 135 140

Leu Ala Gly Ala Gly Asp Leu Thr Gly Asp Pro Ile Gly Tyr Val Thr
145 150 155 160

Gly Val Leu Ala Val Leu Val His Ala Ala Tyr Leu Val Leu Ile Gln
165 170 175

Lys Ala Ser Ala Asp Thr Glu His Gly Pro Leu Thr Ala Gln Tyr Val
180 185 190

Ile Ala Val Ser Ala Thr Pro Leu Leu Val Ile Cys Ser Phe Ala Ser
195 200 205

Thr Asp Ser Ile His Ala Trp Thr Phe Pro Gly Trp Lys Asp Pro Ala
210 215 220

Met Val Cys Ile Phe Val Ala Cys Ile Leu Ile Gly Cys Ala Met Asn
225 230 235 240

Phe Thr Thr Leu His Cys Thr Tyr Ile Asn Ser Ala Val Thr Thr Ser
245 250 255

Phe Val Gly Val Val Lys Ser Ile Ala Thr Ile Thr Val Gly Met Val
260 265 270

Ala Phe Ser Asp Val Glu Pro Thr Ser Leu Phe Ile Ala Gly Val Val
275 280 285

Val Asn Thr Leu Gly Ser Ile Ile Tyr Cys Val Ala Lys Phe Met Glu
290 295 300

Thr Arg Lys Gln Ser Asn Tyr Glu Asp Leu Glu Ala Gln Pro Arg Gly
305 310 315 320

05.10.04

XPs.ST25.txt

Glu Glu Ala Gln Leu Ser Gly Asp Gln Leu Pro Phe Val Met Glu Glu
325 330 335

Leu Pro Gly Glu Gly Gly Asn Gly Arg Ser Glu Glu Cys Gly Lys Val
340 345 350

Ile Val Ile Lys Thr Ser Pro Leu Phe Arg Pro Thr Met Gln Asn Ser
355 360 365

Tyr Ala Glu Trp Arg Leu Thr Leu Glu Asn Val Thr Thr Asn Ala Lys
370 375 380

Leu Val Val Cys Pro Phe Val Thr Ala Pro Asn Pro Pro Pro Thr Asn
385 390 395 400

Ser Ser Leu His Ser Glu Leu Gln Ile Tyr Ser Val Pro Gln Pro Asn
405 410 415

Arg Gly Cys Gly Asn Gly Pro Ala Met Thr Met Leu Gln Arg Thr Ser
420 425 430

Glu His Arg Gln Lys Glu Thr Gly Ala Leu Ile Ile Leu
435 440 445

<210> 127
<211> 318
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(318)
<223>

<400> 127
atg tcc agg aaa cca cga gcc tcc agc cca ttg tcc aac aac cac cca 48
Met Ser Arg Lys Pro Arg Ala Ser Ser Pro Leu Ser Asn Asn His Pro
5 10 15

cca aca cca aag agt tcc ttc acc tgt gct cac ttg agc tca gaa aaa 96
Pro Thr Pro Lys Ser Ser Phe Thr Cys Ala His Leu Ser Ser Glu Lys
20 25 30

ccc gtg gaa act acc aac gag agg gtc act aca gat gcc tta tcc cca 144
Pro Val Glu Thr Thr Asn Glu Arg Val Thr Thr Asp Ala Leu Ser Pro
35 40 45

ggc cca aac acc gtc atg gag gct cct gac ccc acc ggc ctg aag tct 192
Gly Pro Asn Thr Val Met Glu Ala Pro Asp Pro Thr Gly Leu Lys Ser
50 55 60

gga ttt aga gct cgg agt gcc agc ctg cct ggg tct cag tgg act tgg 240
Gly Phe Arg Ala Arg Ser Ala Ser Leu Pro Gly Ser Gln Trp Thr Trp
65 70 75 80

ttt tgc atg tgc tct ctg tca ttg aca cta gca atg gct ctc tcc tgg 288
Phe Cys Met Cys Ser Leu Ser Leu Thr Leu Ala Met Ala Leu Ser Trp
85 90 95

05.10.04

XPs.ST25.txt

318

atc ctc cct gga tcc tcc ctc aca ggc tga
Ile Leu Pro Gly Ser Ser Leu Thr Gly
100 105

<210> 128
<211> 105
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 128

Met Ser Arg Lys Pro Arg Ala Ser Ser Pro Leu Ser Asn Asn His Pro
1 5 10 15

Pro Thr Pro Lys Ser Ser Phe Thr Cys Ala His Leu Ser Ser Glu Lys
20 25 30

Pro Val Glu Thr Thr Asn Glu Arg Val Thr Thr Asp Ala Leu Ser Pro
35 40 45

Gly Pro Asn Thr Val Met Glu Ala Pro Asp Pro Thr Gly Leu Lys Ser
50 55 60

Gly Phe Arg Ala Arg Ser Ala Ser Leu Pro Gly Ser Gln Trp Thr Trp
65 70 75 80

Phe Cys Met Cys Ser Leu Ser Leu Thr Leu Ala Met Ala Leu Ser Trp
85 90 95

Ile Leu Pro Gly Ser Ser Leu Thr Gly
100 105

<210> 129
<211> 4892
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (4394)..(4681)
<223>

<400> 129
atagaaacct taaaagggca acacaaagtt ttgaatagaa gaggccaagc agcctcgccc 60
agaagctgat gtttgtgaat gtactgggcc ttctaaagcg gcgcttcaca caccttttca 120
cttcttggca caggtaggaa aggatgatat tacaagggtc aaaatggggg taaacagaag 180
aggctgctcc tgcagaaggc ttcctgcaga agcccttgca cttggagggc tgggaagacc 240
catgctgtat ctgcatccct gtcattcggt tcacggcatc cagttgggaa gctctgctta 300
aagctttgtc tggcacgttt tcttagctac atttttccac tccagctgag actgcctcac 360
tgagttgtca acacttggtc ttcttcagca gtgaggaacc aacaagacag gaggctgggt 420
caatactcaa cttggcaaac tccaggaaat ggtgcttaaa acgtttggct tcttgaatgg 480
aattcatggt actgctccca gcctgcacct gggttctcca acttgagaca atttctcccc 540

05.10.04

XPs.ST25.txt

gcatcccccc acccttccct ggctttcact cactagcaag tgggctgctt ctactttctt 600
tctcacattc atttcttagg tccattctca gagcggttag gattactggt taattagcct 660
cataatcata tctatgatgg caaaatcaag aaacaattta aacatgattc ttaaaagtaa 720
ggagataaat accagagaca tagaagggtga aagaatttgc ctctaggaag caggaattta 780
aatttgggga agacaggggtg gagcaaggga tataaatcta gtccattttt cttttctttt 840
cttttctttt ttttttattt ttaagataga gtctcactct gtcgcccagg ctggagtga 900
gtggcatgat cttggctcac tgcaacctct gcctccttcg ttcaagcgat tctcccacct 960
cagcctccct agtaactggg attacaagtg actgccacta tgcccagcta attttgtatt 1020
tttagtagag acgaggtttc accatgttgg ccaggctggt ctcgaactcc tgacctcagg 1080
ggatccgccc agctcagcct cccaaagtgc taggattcca ggcgtgagcc actgcacctg 1140
gcggaatcta gtccattttc cactttgcta ccacacatct gcagggtttc ttgcttgctt 1200
aaagctttc attggctccc aatctctgat aatatcaaga gcaagttcct gaacaactca 1260
ttcaagacc atcacccctc gcatctgtca actctgcccc ttgaatatta cacctcattt 1320
tactacacca catctagttc cctgaatatg caaacagatt tcatacattt gcacctttat 1380
acatgttatt gcttttgctt gggagagtat tctcttgctg ctataataat agctaataac 1440
actgtgctaa gtactttctg tgatttataa ctgttaattc ttacatcaac cctatggtaa 1500
atgttactgt tatctccatt ttataaacia gaaaactaag acttaaagag ttttaagtga 1560
ttgcagaaat atgtagtatt tgggtgaggct aaatttgaac ccagcaatct gactccagga 1620
ctaacataat attacctatt catccttcta aaatgtttcc cagacactaa atttgaacag 1680
gattaaaaga tttaaatggt ttttaagtctt aaaagggcaa ggagaaaata caagtgaatt 1740
gcttttaatc tcaaactaag catgaaacia cggctgaaat tacaaaggaa aagtgacaga 1800
tctgactggt gaacttttaa cttcttttat ccaaaaaaaa accccataga ataaaattta 1860
aaacaagta aaaattacia aaaatttgca atatacatga cagataagca taacattaaa 1920
agaacttag aaagaaaaaa tagcctacta aaaatgagca aaatgcaat tcgtcatcat 1980
gagagaaaaa tgtaaattggc caaacatttt taagagaagt aaaaacttaa aacgataatg 2040
caccatcaaa ttgagaataa aataatactc agagctagta atttgggcca gtgacccttg 2100
gagtaggatg tatagcaact aaagaaactc atacattact gagaaggggtg taaattggct 2160
caacgattct ggagagcaat ttgacagaat gtagtgaaag cgtcaaaaat gttcacacac 2220
tttgacttaa aaattacatt cctggaaatt tataatacia acattttcta taaaagggtca 2280
gatggcaaat actttgggct ttgaaggcca catatgtctc tgtggctttt cttttgtgtg 2340
tgtgttttaa aaaaaaaaaa actgcccccc ctccccccac cttgttagg ccattcttgc 2400
attactataa agaaatacct gaggctgggt aatttatatg aaaagagggt taactggctc 2460
atggttctgc aggctgtaca ggaagcataa tgccatctgc ttctgggggg gcctcaggaa 2520
gcttccaatc atgctggaag gtgatgggga gcagatgtct cacatgggtga gaacgggagc 2580

05.10.04

XPS.ST25.txt

```

aagaaggagt tgggggggag gagccacata aacaatgaga tccctgtgag ctcagagtga 2640
gagcacactt atcaccaagg agatggccca agctattcat gagggatccg cccctatgat 2700
ccaaacacct cccaccaggc tccacctcca acactggaga ttatatctca acatgaaatt 2760
tgaatgggac atccaaactg tatcaccccc aaaatgtaaa gtctcatcac agtacatttg 2820
gtaatggcca aaagagaaac caaactaaat gtccgagaat aaaaattagt tacaactaga 2880
tacacggagg caagttttta aaaagtgtta aaattttaaa atgttgcaga atggatatcta 2940
ttggataaaa tagtatttat gattttattaa gtggaaaata cagttttaca aataatatgg 3000
tgtgatcccg aaaacaacat aatcatgtgt gtataaatgc atagaaaaaa atctggaaag 3060
atataaacag atattttatag tgggtctaggg caggggatgg aattgtagat atttgctttt 3120
tgttttatgt atatgtttcc cataatgaaa tgtattgttt atataattaa aaaatatagc 3180
aaactttgct tgggggacaa caaagcacct catttggtta tttgggaaaa tcttttatta 3240
tatctctgt aaggagttgg ttgctctctc ttctgtactc cctgattaca taatgctctt 3300
ctgagcactt ttatttaata gcagaatggg tgatatcatt atttagttaa ggtttcctct 3360
attatcgaac atctgagttc ccagtacact agtctcccct tatctgtggg tttgcttcca 3420
aggtttcagt tatgatcaac caagatctga aaatattaaa tgaaaaattc cagaaataaa 3480
acaattcata agttttacat tgtgcaccat cctgctgtat cctgtccagg ccatgggtca 3540
tccctcttgt tcagtgtgtc cacactgtag atgctcccct gtctgttagt cactttgtag 3600
ttggcttggg tgtcagacct actgtcaagg tattgcagta cttatgtcca agtaacactt 3660
atttaactta ataatggccc ctaaacacaa gagtagtaat gttggcaatt tgggtatgcc 3720
aaagaaaagt cataaagtgc ttctttttaag tgaaaaccca aaagtttttg aattagtaag 3780
gaaagaaaaa aatccatatg ctgaggtcgc taagatctat gataagaatg aatcttctac 3840
ctgtgaaatt gtgaaggaaa aagaaattca cgtagtttt gctgttgtag ctcaaactgc 3900
aaagttatg gccacagtgt ataactttta ttaaaatata tttgtataac tgttcttatt 3960
tacttttct gttttatttt tagagacagg gcttcattct gtcaccagc ctggagtgc 4020
aagggtcaat catagctcac tgcagcctca aactctttgg ctcaagtgat cttcctgcct 4080
cagcctccca agtagctggg actgcaggtg tgcatcacta cgcccagcta attttttaat 4140
tttttgtgca gatggagtct gactctgttg cccaggaact cctggcctca agtaatcctc 4200
ccgcctcggg tttccaaaga gctgggatta caggcatgag ccactgtgcc tggctattct 4260
attttattag cagtaattgt tgttaatctc ttattgtgcc ttatttatat taataactta 4320
atcatagata gatatgtata ggaaaaaaca ttgtatatata agggttcagt actatctgca 4380
gtttcagata tcc atg agg ggt ctt gaa acg tat ccc cca cag gta agg 4429
Met Arg Gly Leu Glu Thr Tyr Pro Pro Gln Val Arg
1 5 10
ggg gac ttg tat ttc tct gtt ata aat atg ctg gtt att ctc cac ttg 4477
Gly Asp Leu Tyr Phe Ser Val Ile Asn Met Leu Val Ile Leu His Leu
15 20 25

```

05.10.04

XPs.ST25.txt

```

ttg tgt ttt agt gcc atc ttc tgc tct tct ctg cta gac tct gtg cct 4525
Leu Cys Phe Ser Ala Ile Phe Cys Ser Ser Leu Leu Asp Ser Val Pro
30 35 40

cag aag gtg gaa ttt ttc ata aac tat tcc agc tgg ggt ctc atg cca 4573
Gln Lys Val Glu Phe Phe Ile Asn Tyr Ser Ser Trp Gly Leu Met Pro
45 50 55 60

gtt ggt ttt gac caa tgg gta aca cca tca gta gat tgg agg atg gaa 4621
Val Gly Phe Asp Gln Trp Val Thr Pro Ser Val Asp Trp Arg Met Glu
65 70 75

aag gaa aaa agg tta gga tat gtt tca cca cct ctt ttc ctg ctt ctg 4669
Lys Glu Lys Arg Leu Gly Tyr Val Ser Pro Pro Leu Phe Leu Leu Leu
80 85 90

gct ggg ttc tga tgggtggcttt gtcccttgaa ggctcctcct gcaaggcagc 4721
Ala Gly Phe
95

cctgctccac tgtgccagcc ttcactgggc tctactaacg tgattccctc cccttatttc 4781

ttcaggccta gctgtgctaa ctctaggtta cctccatggt tcttggtttcc tttcatccaa 4841

ccctaaccct aacttctata aatagttccc gcaataaagt ctcttcagct g 4892

```

<210> 130
 <211> 95
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 130

Met Arg Gly Leu Glu Thr Tyr Pro Pro Gln Val Arg Gly Asp Leu Tyr
1 5 10 15

Phe Ser Val Ile Asn Met Leu Val Ile Leu His Leu Leu Cys Phe Ser
20 25 30

Ala Ile Phe Cys Ser Ser Leu Leu Asp Ser Val Pro Gln Lys Val Glu
35 40 45

Phe Phe Ile Asn Tyr Ser Ser Trp Gly Leu Met Pro Val Gly Phe Asp
50 55 60

Gln Trp Val Thr Pro Ser Val Asp Trp Arg Met Glu Lys Glu Lys Arg
65 70 75 80

Leu Gly Tyr Val Ser Pro Pro Leu Phe Leu Leu Leu Ala Gly Phe
85 90 95

<210> 131
 <211> 1844
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (623)..(1609)
 <223>

05.10.04

XPs.ST25.txt

```

<400> 131
gttctctgtc agggctctccc tgggagggac gcagccaccg cagctgggtg gggcctggct      60
tcaccgagga cagtcctttc ctttccatt gtcgttgggt aattattgct gggctgggac      120
atgaggcagg cagaggtgcg ggtcaccctt agggcccccc tcttcctgct ggggctctgg      180
gcgctcctgg ctccagtcgg gtgttctcaa ggccgtccct tgtggcacta cgcctcctcc      240
gaggtggtga ttcccaggaa ggagacgcac cacggcaaag gccttcagtt tcccggctgg      300
ctgtcccaca gcctgcgttt tgggggtcaa agacacgtca ttcacatgcg gaggaacac      360
cttctttggc ccagacatct gctggtgaca actcaggatg accaaggagc cttgccgatg      420
gatggcccct acattccacc agactgctac tacctcggct acctggagga ggtgcctcag      480
tccatggtca ccatcgacac gtgctatggg ggccctcagag gcatcatgaa gctggacgac      540
cttgccctacg aaatcaaacc cctccaggat tcccgcaggc cgggtgtgtt tcaaaacact      600
ctcctgtg tataatgaaa cc atg aca acg gtt cgc tgt gga aac ctc ata      652
                        Met Thr Thr Val Arg Cys Gly Asn Leu Ile
                        1                    5                      10

gtg gag ggg agg gag gaa tgt gac tgt ggc tcc ttc aag cag tgt tat      700
Val Glu Gly Arg Glu Glu Cys Asp Cys Gly Ser Phe Lys Gln Cys Tyr
                        15                      20                      25

gcc agt tat tgc tgc caa agt gac tgt cac tta aca ccg ggg agc acc      748
Ala Ser Tyr Cys Cys Gln Ser Asp Cys His Leu Thr Pro Gly Ser Thr
                        30                      35                      40

tgt cat ata gga gag tgc tgt aca aac ttc agc ttc tcc cca cca ggg      796
Cys His Ile Gly Glu Cys Cys Thr Asn Phe Ser Phe Ser Pro Pro Gly
                        45                      50                      55

act ctc tgc aga cct atc caa aat ata tgt gac ctt cca gag tac tgt      844
Thr Leu Cys Arg Pro Ile Gln Asn Ile Cys Asp Leu Pro Glu Tyr Cys
                        60                      65                      70

cac ggg acc acc gtg aca tgc cca gca aac ttt tat atg caa gat gga      892
His Gly Thr Thr Val Thr Cys Pro Ala Asn Phe Tyr Met Gln Asp Gly
                        75                      80                      85

acc ctg tgc atg gaa gaa ggc tac tgt tat cat ggg aac tgc act gac      940
Thr Leu Cys Met Glu Glu Gly Tyr Cys Tyr His Gly Asn Cys Thr Asp
                        95                      100                      105

cgc aat gtg ctc tgc aag gcg atg ttt ggt gtc agt gct gag gat gct      988
Arg Asn Val Leu Cys Lys Ala Met Phe Gly Val Ser Ala Glu Asp Ala
                        110                      115                      120

cct aag gtc tgc tat gac ata aat ctt gaa agc tac cga ttt gga cat      1036
Pro Lys Val Cys Tyr Asp Ile Asn Leu Glu Ser Tyr Arg Phe Gly His
                        125                      130                      135

tgt att aga caa caa aca tat ctc agc tac cag gct tgt aca gga ata      1084
Cys Ile Arg Gln Gln Thr Tyr Leu Ser Tyr Gln Ala Cys Thr Gly Ile
                        140                      145                      150

gat aag ttt tgt gga gga ctg cag tgt acc aat gtg acc cat ctt ccc      1132
Asp Lys Phe Cys Gly Gly Leu Gln Cys Thr Asn Val Thr His Leu Pro
                        155                      160                      165                      170

cag ctg cag gaa cat gtt tca ttc cat cac tca gtg aga gga ggg ttt      1180
Gln Leu Gln Glu His Val Ser Phe His His Ser Val Arg Gly Gly Phe

```

05.10.04

XP5.ST25.txt
180

175

185

cag	tgt	ttt	aga	ctg	gat	gaa	cac	cat	gca	aca	gac	atg	act	gat	gtt	1228
Gln	Cys	Phe	Arg	Leu	Asp	Glu	His	His	Ala	Thr	Asp	Met	Thr	Asp	Val	
			190					195					200			
ggg	cgt	gtg	ata	gat	ggc	act	cct	tgt	gtt	cat	gga	aac	ttc	tgt	aat	1276
Gly	Arg	Val	Ile	Asp	Gly	Thr	Pro	Cys	Val	His	Gly	Asn	Phe	Cys	Asn	
		205					210					215				
aac	acc	cgg	tgc	aat	gca	act	atc	act	tca	ctg	ggc	tac	gac	tgt	cgc	1324
Asn	Thr	Arg	Cys	Asn	Ala	Thr	Ile	Thr	Ser	Leu	Gly	Tyr	Asp	Cys	Arg	
	220					225					230					
ctt	gag	aag	tgc	agt	cat	aga	ggg	gtc	tgc	aac	aac	aga	agg	aac	tgc	1372
Leu	Glu	Lys	Cys	Ser	His	Arg	Gly	Val	Cys	Asn	Asn	Arg	Arg	Asn	Cys	
235					240					245					250	
cat	tgc	cat	ata	ggc	tgg	gat	cct	cca	ctg	tgc	cta	aga	aga	ggg	gct	1420
His	Cys	His	Ile	Gly	Trp	Asp	Pro	Pro	Leu	Cys	Leu	Arg	Arg	Gly	Ala	
				255					260					265		
t	ggg	agt	gtc	gac	agc	ggg	cca	cct	cca	aaa	aga	aca	tgt	tct	ctc	1468
y	Gly	Ser	Val	Asp	Ser	Gly	Pro	Pro	Pro	Lys	Arg	Thr	Cys	Ser	Leu	
			270					275					280			
aga	caa	agc	caa	caa	tca	gag	atg	tat	ctg	aga	gtg	gtc	ttt	ggg	cgt	1516
Arg	Gln	Ser	Gln	Gln	Ser	Glu	Met	Tyr	Leu	Arg	Val	Val	Phe	Gly	Arg	
		285					290					295				
att	tac	gcc	ttc	ata	att	gca	ctg	ctc	ttt	ggg	aca	gcc	aca	aat	gtg	1564
Ile	Tyr	Ala	Phe	Ile	Ile	Ala	Leu	Leu	Phe	Gly	Thr	Ala	Thr	Asn	Val	
	300					305					310					
caa	act	tat	cag	gac	cac	cac	cgg	tta	gga	aga	gac	agt	tac	taa		1609
Gln	Thr	Tyr	Gln	Asp	His	His	Arg	Leu	Gly	Arg	Asp	Ser	Tyr			
315					320					325						
ccctgaataa	gactaattca	gcctcccgat	ccctgtaaag	atacagagaa	tataacagca											1669
aaatctatga	aataggatca	ggcgaaggga	tggcaaagct	caagtccaca	tttcttgaag											1729
tccacaggag	gcacatgggc	ctgtctcacg	tcacagggaa	aggggaggca	ttggcttcta											1789
cccagggttc	ttgtagggtcg	ctgatgttca	ctctgaaata	aatcttcaaa	aacac											1844

<210> 132
<211> 328
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 132

Met Thr Thr Val Arg Cys Gly Asn Leu Ile Val Glu Gly Arg Glu Glu
1 5 10 15

Cys Asp Cys Gly Ser Phe Lys Gln Cys Tyr Ala Ser Tyr Cys Cys Gln
20 25 30

Ser Asp Cys His Leu Thr Pro Gly Ser Thr Cys His Ile Gly Glu Cys
35 40 45

Cys Thr Asn Phe Ser Phe Ser Pro Pro Gly Thr Leu Cys Arg Pro Ile
50 55 60

05.10.04

XPs.ST25.txt

Gln Asn Ile Cys Asp Leu Pro Glu Tyr Cys His Gly Thr Thr Val Thr
65 70 75 80

Cys Pro Ala Asn Phe Tyr Met Gln Asp Gly Thr Leu Cys Met Glu Glu
85 90 95

Gly Tyr Cys Tyr His Gly Asn Cys Thr Asp Arg Asn Val Leu Cys Lys
100 105 110

Ala Met Phe Gly Val Ser Ala Glu Asp Ala Pro Lys Val Cys Tyr Asp
115 120 125

Ile Asn Leu Glu Ser Tyr Arg Phe Gly His Cys Ile Arg Gln Gln Thr
130 135 140

Leu Ser Tyr Gln Ala Cys Thr Gly Ile Asp Lys Phe Cys Gly Gly
150 155 160

Leu Gln Cys Thr Asn Val Thr His Leu Pro Gln Leu Gln Glu His Val
165 170 175

Ser Phe His His Ser Val Arg Gly Gly Phe Gln Cys Phe Arg Leu Asp
180 185 190

Glu His His Ala Thr Asp Met Thr Asp Val Gly Arg Val Ile Asp Gly
195 200 205

Thr Pro Cys Val His Gly Asn Phe Cys Asn Asn Thr Arg Cys Asn Ala
210 215 220

Thr Ile Thr Ser Leu Gly Tyr Asp Cys Arg Leu Glu Lys Cys Ser His
225 230 235 240

Arg Gly Val Cys Asn Asn Arg Arg Asn Cys His Cys His Ile Gly Trp
245 250 255

Asp Pro Pro Leu Cys Leu Arg Arg Gly Ala Gly Gly Ser Val Asp Ser
260 265 270

Gly Pro Pro Pro Lys Arg Thr Cys Ser Leu Arg Gln Ser Gln Gln Ser
275 280 285

Glu Met Tyr Leu Arg Val Val Phe Gly Arg Ile Tyr Ala Phe Ile Ile
290 295 300

Ala Leu Leu Phe Gly Thr Ala Thr Asn Val Gln Thr Tyr Gln Asp His
305 310 315 320

His Arg Leu Gly Arg Asp Ser Tyr
325

05.10.04

XP5.ST25.txt

<210> 133
<211> 390
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(390)
<223>

<400> 133
atg tta ccc gaa aat aga act aat ctt tcc tct gtt cat ggc att ctg 48
Met Leu Pro Glu Asn Arg Thr Asn Leu Ser Ser Val His Gly Ile Leu
1 5 10 15
tca ttt atc cag tct tct act cgt agg gct tac cag cat atc gtg gat 96
Ser Phe Ile Gln Ser Ser Thr Arg Arg Ala Tyr Gln His Ile Val Asp
20 25 30
gag atg ggt gaa aat cgc aga cct gtg cag tat ggc agg tct gct gct 144
Met Gly Glu Asn Arg Arg Pro Val Gln Tyr Gly Arg Ser Ala Ala
35 40 45
acc act tct aat ccg cat cgt gac aac atc agg tat ggc act tca aac 192
Thr Thr Ser Asn Pro His Arg Asp Asn Ile Arg Tyr Gly Thr Ser Asn
50 55 60
ata gat aca agt gaa gga act tcg gat gac atg act gtt gca gat gca 240
Ile Asp Thr Ser Glu Gly Thr Ser Asp Asp Met Thr Val Ala Asp Ala
65 70 75 80
gct tcg tta aga cga cag ata atc aaa cta aat aga cgc ttg caa cat 288
Ala Ser Leu Arg Arg Gln Ile Ile Lys Leu Asn Arg Arg Leu Gln His
85 90 95
cta gaa gag gag aac aag gaa cgt gcc aag aga gaa atg gtc atg tat 336
Leu Glu Glu Glu Asn Lys Glu Arg Ala Lys Arg Glu Met Val Met Tyr
100 105 110
tca att acc ata gga ttg tgg ctg ctt agt aac tgg ctc tgg ttt cgc 384
Ser Ile Thr Ile Gly Leu Trp Leu Leu Ser Asn Trp Leu Trp Phe Arg
115 120 125
c tag 390
g

<210> 134
<211> 129
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 134

Met Leu Pro Glu Asn Arg Thr Asn Leu Ser Ser Val His Gly Ile Leu
1 5 10 15
Ser Phe Ile Gln Ser Ser Thr Arg Arg Ala Tyr Gln His Ile Val Asp
20 25 30
Glu Met Gly Glu Asn Arg Arg Pro Val Gln Tyr Gly Arg Ser Ala Ala
35 40 45

05.10.04

XP.S.T25.txt

Thr Thr Ser Asn Pro His Arg Asp Asn Ile Arg Tyr Gly Thr Ser Asn
50 55 60

Ile Asp Thr Ser Glu Gly Thr Ser Asp Asp Met Thr Val Ala Asp Ala
65 70 75 80

Ala Ser Leu Arg Arg Gln Ile Ile Lys Leu Asn Arg Arg Leu Gln His
85 90 95

Leu Glu Glu Glu Asn Lys Glu Arg Ala Lys Arg Glu Met Val Met Tyr
100 105 110

Ser Ile Thr Ile Gly Leu Trp Leu Leu Ser Asn Trp Leu Trp Phe Arg
115 120 125

Arg

<210> 135
<211> 543
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (148)..(489)
<223>

<400> 135
ataaagcggg acaacacaga acttcccagt tacaccaggc atcctggccc aaagtttccc 60

aaatccaggc ggctagaggc cactgcttc ccaactacca gctgaggggg tccgtcccga 120

gaagggagaa gaggccgaag aggaaac atg aac ttc tat tta ctc cta gcg agc 174
Met Asn Phe Tyr Leu Leu Ala Ser
1 5

agc att ctg tgt gcc ttg att gtc ttc tgg aaa tat cgc cgc ttt cag 222
Ser Ile Leu Cys Ala Leu Ile Val Phe Trp Lys Tyr Arg Arg Phe Gln
15 20 25

aga aac act ggc gaa atg tca tca aat tca act gct ctt gca cta gtg 270
Arg Asn Thr Gly Glu Met Ser Ser Asn Ser Thr Ala Leu Ala Leu Val
30 35 40

aga ccc tct tct tct ggg tta att aac agc aat aca gac aac aat ctt 318
Arg Pro Ser Ser Ser Gly Leu Ile Asn Ser Asn Thr Asp Asn Asn Leu
45 50 55

gca gtc tac gac ctc tct cgg gat att tta aat aat ttc cca cac tca 366
Ala Val Tyr Asp Leu Ser Arg Asp Ile Leu Asn Asn Phe Pro His Ser
60 65 70

ata gcc agg cag aag cga ata ttg gta aac ctc agt atg gtg gaa aac 414
Ile Ala Arg Gln Lys Arg Ile Leu Val Asn Leu Ser Met Val Glu Asn
75 80 85

aag ctg gtt gaa ctg gaa cat act cta ctt agc aag ggt ttc aga ggt 462
Lys Leu Val Glu Leu Glu His Thr Leu Leu Ser Lys Gly Phe Arg Gly
90 95 100 105

08.10.04

XPs.ST25.txt

gca tca cct cac cgg aaa tcc acc taa aagcgtacag gatgtaatgc
Ala Ser Pro His Arg Lys Ser Thr
110

509

cagtgggtgga aatcattaaa gacactttga gtag

543

<210> 136
<211> 113
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 136

Met Asn Phe Tyr Leu Leu Leu Ala Ser Ser Ile Leu Cys Ala Leu Ile
1 5 10 15

Val Phe Trp Lys Tyr Arg Arg Phe Gln Arg Asn Thr Gly Glu Met Ser
20 25 30

Ser Asn Ser Thr Ala Leu Ala Leu Val Arg Pro Ser Ser Ser Gly Leu
35 40 45

Ile Asn Ser Asn Thr Asp Asn Asn Leu Ala Val Tyr Asp Leu Ser Arg
50 55 60

Asp Ile Leu Asn Asn Phe Pro His Ser Ile Ala Arg Gln Lys Arg Ile
65 70 75 80

Leu Val Asn Leu Ser Met Val Glu Asn Lys Leu Val Glu Leu Glu His
85 90 95

Thr Leu Leu Ser Lys Gly Phe Arg Gly Ala Ser Pro His Arg Lys Ser
100 105 110

Thr

<210> 137
<211> 768
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (265)..(768)
<223>

<400> 137
ttcccagttcc agtttgcact ggtgcagccc aactccaata tctacattct cttgcagaaa 60
cccttcaaag gcttgccctgt attgaccaat gaaaatgaaa ctaaaatcta cactccttat 120
gagcaagggc attcaagctc agttgggctg ggtgcttcca agagaacatc agaggtcatc 180
agcaaggtgg aatctattcg ctgtggttca actttgtctc ccgaactgca tgattattca 240
aagccaaaag ccaacagagc cccc atg gag aag tgg agg atg ctc aga tac 291
Met Glu Lys Trp Arg Met Leu Arg Tyr
1 5

05.10.04

XPs.ST25.txt

tgc	tat	gga	gcc	ctg	aga	aag	atg	ggc	att	cac	tgg	ctc	gca	tta	tat	339
Cys	Tyr	Gly	Ala	Leu	Arg	Lys	Met	Gly	Ile	His	Trp	Leu	Ala	Leu	Tyr	
10					15					20					25	
ttt	ggg	acc	att	gta	att	gtt	cca	aac	ggg	agc	caa	atg	agc	aaa	act	387
Phe	Gly	Thr	Ile	Val	Ile	Val	Pro	Asn	Gly	Ser	Gln	Met	Ser	Lys	Thr	
				30					35					40		
ttg	cga	aat	aat	tct	gag	tcc	ctt	gct	gga	aag	cct	cac	ctg	aat	gca	435
Leu	Arg	Asn	Asn	Ser	Glu	Ser	Leu	Ala	Gly	Lys	Pro	His	Leu	Asn	Ala	
			45					50					55			
gcc	cac	aca	ttt	atg	ata	cac	tac	aaa	ggc	ttc	aag	gat	gat	tac	tgc	483
Ala	His	Thr	Phe	Met	Ile	His	Tyr	Lys	Gly	Phe	Lys	Asp	Asp	Tyr	Cys	
		60					65					70				
cag	tca	ttt	cca	ata	aag	cat	tcc	tgg	gga	cag	gga	aaa	gcc	aat	gct	531
Gln	Ser	Phe	Pro	Ile	Lys	His	Ser	Trp	Gly	Gln	Gly	Lys	Ala	Asn	Ala	
	75					80					85					
gac	ctg	cag	ctg	ggg	ctg	aaa	att	ctt	gac	ctg	gag	ttc	ttc	ctt	ggt	579
Asp	Leu	Gln	Leu	Gly	Leu	Lys	Ile	Leu	Asp	Leu	Glu	Phe	Phe	Leu	Gly	
90				95						100					105	
gac	ttg	gtc	aag	gat	aag	cac	tta	aac	gga	ggt	atc	ccc	atg	tgt	gtt	627
Asp	Leu	Val	Lys	Asp	Lys	His	Leu	Asn	Gly	Gly	Ile	Pro	Met	Cys	Val	
				110					115					120		
gta	ctg	gtc	gct	tat	gcc	acc	aaa	tct	cag	gga	aac	att	ggt	gaa	gat	675
Val	Leu	Val	Ala	Tyr	Ala	Thr	Lys	Ser	Gln	Gly	Asn	Ile	Gly	Glu	Asp	
			125					130					135			
gga	gac	aat	act	tct	gtt	cca	gat	gtt	cag	ccc	atg	ccc	atg	gct	gaa	723
Gly	Asp	Asn	Thr	Ser	Val	Pro	Asp	Val	Gln	Pro	Met	Pro	Met	Ala	Glu	
		140					145					150				
tcc	cag	tgc	ccc	atg	aag	ccc	aca	gaa	ata	agc	ctg	gac	ccc	tga		768
Ser	Gln	Cys	Pro	Met	Lys	Pro	Thr	Glu	Ile	Ser	Leu	Asp	Pro			
	155					160					165					

<210> 138
 <211> 167
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 138

Met Glu Lys Trp Arg Met Leu Arg Tyr Cys Tyr Gly Ala Leu Arg Lys
 1 5 10 15

Met Gly Ile His Trp Leu Ala Leu Tyr Phe Gly Thr Ile Val Ile Val
 20 25 30

Pro Asn Gly Ser Gln Met Ser Lys Thr Leu Arg Asn Asn Ser Glu Ser
 35 40 45

Leu Ala Gly Lys Pro His Leu Asn Ala Ala His Thr Phe Met Ile His
 50 55 60

Tyr Lys Gly Phe Lys Asp Asp Tyr Cys Gln Ser Phe Pro Ile Lys His
 65 70 75 80

08.10.04

XPs.ST25.txt

Ser Trp Gly Gln Gly Lys Ala Asn Ala Asp Leu Gln Leu Gly Leu Lys
85 90 95

Ile Leu Asp Leu Glu Phe Phe Leu Gly Asp Leu Val Lys Asp Lys His
100 105 110

Leu Asn Gly Gly Ile Pro Met Cys Val Val Leu Val Ala Tyr Ala Thr
115 120 125

Lys Ser Gln Gly Asn Ile Gly Glu Asp Gly Asp Asn Thr Ser Val Pro
130 135 140

Asp Val Gln Pro Met Pro Met Ala Glu Ser Gln Cys Pro Met Lys Pro
145 150 155 160

Thr Glu Ile Ser Leu Asp Pro
165

<210> 139
<211> 390
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(390)
<223>

<400> 139
atg agt tgg atg ttc ctc aga gat ctc ctg agt gga gta aat aaa tac 48
Met Ser Trp Met Phe Leu Arg Asp Leu Leu Ser Gly Val Asn Lys Tyr
1 5 10 15

tcc act ggg act gga tgg att tgg ctg gct gtc gtg ttt gtc ttc cgt 96
Ser Thr Gly Thr Gly Trp Ile Trp Leu Ala Val Val Phe Val Phe Arg
20 25 30

ttg ctg gtc tac atg gtg gca gca gag cac gtg tgg aaa gat gag cag 144
Leu Leu Val Tyr Met Val Ala Ala Glu His Val Trp Lys Asp Glu Gln
35 40 45

aaa gag ttt gag tgc aac agt aga cag ccc ggt tgc aaa aat gtg tgt 192
Lys Glu Phe Glu Cys Asn Ser Arg Gln Pro Gly Cys Lys Asn Val Cys
50 55 60

ttt gat gac ttc ttc ccc att tcc caa gtc aga ctt tgg gcc tta caa 240
Phe Asp Asp Phe Phe Pro Ile Ser Gln Val Arg Leu Trp Ala Leu Gln
65 70 75 80

ctg ata atg gtc tcc aca cct tca ctt ctg gtg gtt tta cat gta gcc 288
Leu Ile Met Val Ser Thr Pro Ser Leu Leu Val Val Leu His Val Ala
85 90 95

tat cat gag ggt aga gag aaa agg cac aga aag aaa ctc tat gtc agc 336
Tyr His Glu Gly Arg Glu Lys Arg His Arg Lys Lys Leu Tyr Val Ser
100 105 110

cca gca aat ctt cct ttg gct gta aaa gat att ggt gac cgt gag gag 384
Pro Ala Asn Leu Pro Leu Ala Val Lys Asp Ile Gly Asp Arg Glu Glu
115 120 125

08.10.04

XPs.ST25.txt

390

ctc tga
Leu

<210> 140
<211> 129
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 140

Met Ser Trp Met Phe Leu Arg Asp Leu Leu Ser Gly Val Asn Lys Tyr
1 5 10 15

Ser Thr Gly Thr Gly Trp Ile Trp Leu Ala Val Val Phe Val Phe Arg
20 25 30

Leu Leu Val Tyr Met Val Ala Ala Glu His Val Trp Lys Asp Glu Gln
35 40 45

Lys Glu Phe Glu Cys Asn Ser Arg Gln Pro Gly Cys Lys Asn Val Cys
50 55 60

Phe Asp Asp Phe Phe Pro Ile Ser Gln Val Arg Leu Trp Ala Leu Gln
65 70 75 80

Leu Ile Met Val Ser Thr Pro Ser Leu Leu Val Val Leu His Val Ala
85 90 95

Tyr His Glu Gly Arg Glu Lys Arg His Arg Lys Lys Leu Tyr Val Ser
100 105 110

Pro Ala Asn Leu Pro Leu Ala Val Lys Asp Ile Gly Asp Arg Glu Glu
115 120 125

Leu

<210> 141
<211> 501
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(501)
<223>

<400> 141

atg aac aga agc atc tat gac cga cag ttg ctc tgt gtc ctt cta gcc 48
Met Asn Arg Ser Ile Tyr Asp Arg Gln Leu Leu Cys Val Leu Leu Ala
1 5 10 15

tcg cag gag ttt cca gct cat gag ggc aga gga gat gaa gag agg ccg 96
Ser Gln Glu Phe Pro Ala His Glu Gly Arg Gly Asp Glu Glu Arg Pro
20 25 30

atc gac gtg agg gtt gtg cag gcg gcc cct ctg agg tgt gac tcc act 144
Seite 216

08.10.04

XPs.ST25.txt

```

Ile Asp Val Arg Val Val Gln Ala Ala Pro Leu Arg Cys Asp Ser Thr
   35                                40                                45
cct cct gag ggt gct gta gga gac atc tgc aaa aaa gaa gat gct ggc      192
Pro Pro Glu Gly Ala Val Gly Asp Ile Cys Lys Lys Glu Asp Ala Gly
   50                                55                                60

aat atg cca tca acc tca gag ggg agt att tac cct gaa atg gct cac      240
Asn Met Pro Ser Thr Ser Glu Gly Ser Ile Tyr Pro Glu Met Ala His
   65                                70                                75

ttc ctg agg aac aaa ctt gct gga tct agt gta cgg aaa cct gat tct      288
Phe Leu Arg Asn Lys Leu Ala Gly Ser Ser Val Arg Lys Pro Asp Ser
   85                                90

ggg ttc ctt tgg gaa gga gca tta cgg gcc tgg tta ttt ctc atc cta      336
Gly Phe Leu Trp Glu Gly Ala Leu Arg Ala Trp Leu Phe Leu Ile Leu
   100                               105                               110

ata gtt ctc acc cac atc atg tgg gtc cca tta gta cag gta tct ccg      384
Ile Val Leu Thr His Ile Met Trp Val Pro Leu Val Gln Val Ser Pro
   115                               120                               125

aat gct cca ctc ttc cat tac att gag tca att gct cat gac ctt ggg      432
Asn Ala Pro Leu Phe His Tyr Ile Glu Ser Ile Ala His Asp Leu Gly
   130                               135                               140

cct cca att ggg gct att ttc ctg cta tcc atc tcc tgg tct ata gta      480
Pro Pro Ile Gly Ala Ile Phe Leu Leu Ser Ile Ser Trp Ser Ile Val
   145                               150                               160

aaa gag cca atg agc aga taa
Lys Glu Pro Met Ser Arg
   165

```

<210> 142
 <211> 166
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 142

```

Met Asn Arg Ser Ile Tyr Asp Arg Gln Leu Leu Cys Val Leu Leu Ala
  1           5           10           15

```

```

er Gln Glu phe Pro Ala His Glu Gly Arg Gly Asp Glu Glu Arg Pro
  20           25           30

```

```

Ile Asp Val Arg Val Val Gln Ala Ala Pro Leu Arg Cys Asp Ser Thr
   35                                40                                45

```

```

Pro Pro Glu Gly Ala Val Gly Asp Ile Cys Lys Lys Glu Asp Ala Gly
   50                                55                                60

```

```

Asn Met Pro Ser Thr Ser Glu Gly Ser Ile Tyr Pro Glu Met Ala His
   65                                70                                75                                80

```

```

Phe Leu Arg Asn Lys Leu Ala Gly Ser Ser Val Arg Lys Pro Asp Ser
   85                                90                                95

```

```

Gly Phe Leu Trp Glu Gly Ala Leu Arg Ala Trp Leu Phe Leu Ile Leu

```

06.10.04

100 XPs.ST25.txt 110
105

Ile Val Leu Thr His Ile Met Trp Val Pro Leu Val Gln Val Ser Pro
115 120 125

Asn Ala Pro Leu Phe His Tyr Ile Glu Ser Ile Ala His Asp Leu Gly
130 135 140

Pro Pro Ile Gly Ala Ile Phe Leu Leu Ser Ile Ser Trp ser Ile Val
145 150 155 160

Lys Glu Pro Met Ser Arg
165

<210> 143
<211> 499
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (68)..(433)
<223>

<400> 143
acaccacat ggtcggcgtg caggatattt cgctggaccc tagaaaagcc accacgacct 60

gtgggcc atg atg cta ccc caa tgg ctg ctg ctg ctg ttc ctt ctc ttc 109
Met Met Leu Pro Gln Trp Leu Leu Leu Leu Phe Leu Leu Phe
1 5 10

ttc ttt ctc ttc ctc ctc acc agg ggc tca ctt tct cca aca aaa tac 157
Phe Phe Leu Phe Leu Leu Thr Arg Gly Ser Leu Ser Pro Thr Lys Tyr
15 20 25 30

aac ctt ttg gag ctc aag gag tct tgc atc cgg aac cag gac tgc gag 205
Asn Leu Leu Glu Leu Lys Glu Ser Cys Ile Arg Asn Gln Asp Cys Glu
35 40 45

act ggc tgc tgc caa cgt gct cca gac aat tgc gag tcg cac tgc gcg 253
Thr Gly Cys Cys Gln Arg Ala Pro Asp Asn Cys Glu Ser His Cys Ala
50 55 60

gag aag ggg tcc gag ggc agt ctg tgt caa acg cag gtg ttc ttt ggc 301
Glu Lys Gly Ser Glu Gly Ser Leu Cys Gln Thr Gln Val Phe Phe Gly
65 70 75

caa tat aga gcg tgt ccc tgc ctg cgg aac ctg act tgt ata tat tca 349
Gln Tyr Arg Ala Cys Pro Cys Leu Arg Asn Leu Thr Cys Ile Tyr Ser
80 85 90

aag aat gag aaa tgg ctt agc atc gcc tat ggc cgt tgt cag aaa att 397
Lys Asn Glu Lys Trp Leu Ser Ile Ala Tyr Gly Arg Cys Gln Lys Ile
95 100 105 110

gga agg cag aag ttg gct aag aaa atg ttc ttc tag tgctccctcc 443
Gly Arg Gln Lys Leu Ala Lys Lys Met Phe Phe
115 120

ttcttgctgc ctctctctcc tccacctgct ctctcccta cccagagctc tgtgtt 499

<210> 144

06.10.04

XPS.ST25.txt

<211> 121
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 144

Met Met Leu Pro Gln Trp Leu Leu Leu Leu Phe Leu Leu Phe Phe Phe
1 5 10 15

Leu Phe Leu Leu Thr Arg Gly Ser Leu Ser Pro Thr Lys Tyr Asn Leu
20 25 30

Leu Glu Leu Lys Glu Ser Cys Ile Arg Asn Gln Asp Cys Glu Thr Gly
35 40 45

Cys Cys Gln Arg Ala Pro Asp Asn Cys Glu Ser His Cys Ala Glu Lys
50 55 60

Gly Ser Glu Gly Ser Leu Cys Gln Thr Gln Val Phe Phe Gly Gln Tyr
65 70 75 80

Arg Ala Cys Pro Cys Leu Arg Asn Leu Thr Cys Ile Tyr Ser Lys Asn
85 90 95

Glu Lys Trp Leu Ser Ile Ala Tyr Gly Arg Cys Gln Lys Ile Gly Arg
100 105 110

Gln Lys Leu Ala Lys Lys Met Phe Phe
115 120

<210> 145
<211> 1557
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (94)..(600)
<223>

<400> 145
gtgtgtgcat atttataggt gtgtctctgt gcatgtgtat gtgcgtatgc atgtgtgttt 60

atatgagtgc atgtgcattg tgtacatagg tac atg tat gtg tgt cca tgt gca 114
Met Tyr Val Cys Pro Cys Ala
1 5

tgc tgt att tat gtg tac atg tta tgc aat gtg cag gtg tgt atg tgt 162
Cys Cys Ile Tyr Val Tyr Met Leu Cys Asn Val Gln Val Cys Met Cys
10 15 20

gta cat atg tac atg tgt gta cat gtg cat gtg tat ata tgc agg tat 210
Val His Met Tyr Met Cys Val His Val His Val Tyr Ile Cys Arg Tyr
25 30 35

gta tgt ata tgt gta cat atg tac atg tgt tta tgt cta tgt gtg tgc 258
Val Cys Ile Cys Val His Met Tyr Met Cys Leu Cys Leu Cys Val Cys
40 45 50 55

atg tgt gtc tgt gtg tgc atg agt ata tac atg tgc atg tat att tgt 306
seite 219

05.10.04

XPS.ST25.txt

Met	Cys	Val	Cys	Val	Cys	Met	Ser	Ile	Tyr	Met	Cys	Met	Tyr	Ile	Cys		
				60					65					70			
gta	cat	atg	tac	ata	tgt	gcg	cac	atg	tgt	ttg	cgt	ctg	tgt	gca	tgt	354	
Val	His	Met	Tyr	Ile	Cys	Ala	His	Met	Cys	Leu	Arg	Leu	Cys	Ala	Cys		
			75					80					85				
tgt	gtg	tgt	gca	ggg	ggg	ccg	ttg	ctt	tgt	agt	ttt	gtg	ggg	gct	aaa	402	
Cys	Val	Cys	Ala	Gly	Gly	Pro	Leu	Leu	Cys	Ser	Phe	Val	Gly	Ala	Lys		
		90					95					100					
caa	agg	atg	tgc	atg	atg	ctg	tcc	atg	tgt	gca	tgt	gta	tat	gtg	tgc	450	
Gln	Arg	Met	Cys	Met	Met	Leu	Ser	Met	Cys	Ala	Cys	Val	Tyr	Val	Cys		
	105					110					115						
atg	tgt	gtt	tgt	gta	cgt	atg	tac	atg	tat	gtg	tgt	gca	tgt	gtt	tgt	498	
Met	Cys	Val	Cys	Val	Arg	Met	Tyr	Met	Tyr	Val	Cys	Ala	Cys	Val	Cys		
	120				125					130					135		
gtc	tct	ctc	tgt	gtg	tat	gtt	gtg	tgt	gtg	cat	tcg	cgt	gta	tat	gtg	546	
Val	Ser	Leu	Cys	Val	Tyr	Val	Val	Cys	Val	His	Ser	Arg	Val	Tyr	Val		
			140					145						150			
gc	atg	tgt	gtt	tgt	gtg	tgt	atg	tat	gtg	tat	ttg	cta	cga	gtg	gta	594	
ys	Met	Cys	Val	Cys	Val	Cys	Met	Tyr	Val	Tyr	Leu	Leu	Arg	Val	Val		
			155					160					165				
tct	tga	agaaatggga	ttgtgaggat	gaaaggggaag	agtttgtgtt	cgcagccaca	650										
Ser																	
cataaactca	cagaatagct	tctgatggag	cacagtaa	at	ttt	ggaatta	ggtatgagga	710									
agcatctttg	gtcattctta	gttctttgag	atat	tttttca	tttaa	atgaa	aacgtatgcc	770									
tttttctaga	tcttgatgca	aacagttgca	tcaa	agtggga	gctt	gtgagt	aagaatgcag	830									
atagaaaatc	atgggaatta	ttcacgtgga	tgacctgatt	ttattctagt	cttacttatg	890											
aagtcttctt	cctgctccac	aacgattgaa	gagacaggaa	acaaactttt	aaaattacgt	950											
aaataaacgg	gccaaaggga	aatacaagag	gacaagcaaa	gacagacaca	gctttgcaact	1010											
gcactcgtgg	cttatctcac	catggacgcc	aaattcaa	ac	ctgttggcga	ctcatcacac	1070										
gggactgacg	gcacaaaggt	tcttgggaaa	tagaatcatg	ttcagcatca	agtaggaaaa	1130											
agtcacaag	tacttgacaga	caagccaatc	aaaattgaag	gaaaaataga	atcagcacct	1190											
agtgtaaatt	aacttcagaa	atatgcagtc	aggactgtcc	ttgcggactt	gcattctagc	1250											
ttctgagctg	aaatttgtgt	cattaaactg	atatctagat	gatgtacatt	tcttgactta	1310											
ctacaattca	aaaaaaatga	aacaaattac	atgaacacag	tggtatcat	ttcccccttg	1370											
tgaatggcat	agtagcagtc	tatacaattt	tggatgttgt	ctttctgttg	actgttagtt	1430											
actttagact	acaaatctca	gaacatttaa	ataatgattt	gttacattac	tctaaaccta	1490											
attattttat	attcactcac	accatccccct	ctgttggttc	tgaataaac	tattcaaagg	1550											
agtgcag						1557											

<210> 146
 <211> 168
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

05.10.04

XPSt25.txt

<400> 146

Met Tyr Val Cys Pro Cys Ala Cys Cys Ile Tyr Val Tyr Met Leu Cys
1 5 10 15

Asn Val Gln Val Cys Met Cys Val His Met Tyr Met Cys Val His Val
20 25 30

His Val Tyr Ile Cys Arg Tyr Val Cys Ile Cys Val His Met Tyr Met
35 40 45

Cys Leu Cys Leu Cys Val Cys Met Cys Val Cys Val Cys Met Ser Ile
50 55 60

Tyr Met Cys Met Tyr Ile Cys Val His Met Tyr Ile Cys Ala His Met
65 70 75 80

Cys Leu Arg Leu Cys Ala Cys Cys Val Cys Ala Gly Gly Pro Leu Leu
85 90 95

Cys Ser Phe Val Gly Ala Lys Gln Arg Met Cys Met Met Leu Ser Met
100 105 110

Cys Ala Cys Val Tyr Val Cys Met Cys Val Cys Val Arg Met Tyr Met
115 120 125

Tyr Val Cys Ala Cys Val Cys Val Ser Leu Cys Val Tyr Val Val Cys
130 135 140

Val His Ser Arg Val Tyr Val Cys Met Cys Val Cys Val Cys Met Tyr
145 150 155 160

Val Tyr Leu Leu Arg Val Val Ser
165

<210> 147
<211> 3978
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (223)..(3612)
<223>

<400> 147
agactagggg cgagtttggg gcaagtaact gtcagtgagg ttgcagttgg tctgggctgt 60
ttggctgtga gcgaaatagc tgccccccac ttctcacttg cacaccacgg gatactcctc 120
ctgaggctcc ggatgattca gatggactgt gaaaaacaac aagatggatg atcatatgga 180
gattgcttct aacataaatc tgcataaaaa tttttctgaa ac atg gct gga ata 234
Met Ala Gly Ile
1

05.10.04

XPs.ST25.txt

ttt aag gag ttt ttt ttc agt act gag gac ctc cct gaa gtc att cta Phe Lys Glu Phe Phe Phe Ser Thr Glu Asp Leu Pro Glu Val Ile Leu 5 10 15 20	282
aca ttg tct ttg atc agc tcc att gga gca ttt ttg aac cgg cac ttg Thr Leu Ser Leu Ile Ser Ser Ile Gly Ala Phe Leu Asn Arg His Leu 25 30 35	330
gaa gac ttt cca att cct gtc cct gtg ata tta ttt tta ctt gga tgc Glu Asp Phe Pro Ile Pro Val Pro Val Ile Leu Phe Leu Leu Gly Cys 40 45 50	378
agt ttt gaa gta tta agc ttt aca tct tca cag gtc caa aga tac gca Ser Phe Glu Val Leu Ser Phe Thr Ser Ser Gln Val Gln Arg Tyr Ala 55 60 65	426
aac gcc ata caa tgg atg agt cca gac tta ttt ttt cgt ata ttt aca Asn Ala Ile Gln Trp Met Ser Pro Asp Leu Phe Phe Arg Ile Phe Thr 70 75 80	474
cca gta gtt ttc ttt act act gca ttt gac atg gat acg tac atg ctt Pro Val Val Phe Phe Thr Thr Ala Phe Asp Met Asp Thr Tyr Met Leu 85 90 95 100	522
aa aag tta ttt tgg cag ata ctt tta att tca att ccc ggc ttt ttg Gln Lys Leu Phe Trp Gln Ile Leu Leu Ile Ser Ile Pro Gly Phe Leu 105 110 115	570
gtt aat tat atc tta gtt ctt tgg cat ctg gca tct gta aat caa tta Val Asn Tyr Ile Leu Val Leu Trp His Leu Ala Ser Val Asn Gln Leu 120 125 130	618
ctt ttg aag cct acc caa tgg tta tta ttt tca gct atc ctt gtg agt Leu Leu Lys Pro Thr Gln Trp Leu Leu Phe Ser Ala Ile Leu Val Ser 135 140 145	666
tca gat ccc atg cta acc gca gct gct ata aga gac ctt ggg ctt tct Ser Asp Pro Met Leu Thr Ala Ala Ala Ile Arg Asp Leu Gly Leu Ser 150 155 160	714
aga agc ctc atc agt tta att aat gga gaa agt ctg atg acc tct gtt Arg Ser Leu Ile Ser Leu Ile Asn Gly Glu Ser Leu Met Thr Ser Val 165 170 175 180	762
ata tca tta att aca ttt act agt att atg gat ttt gac caa aga cta Ile Ser Leu Ile Thr Phe Thr Ser Ile Met Asp Phe Asp Gln Arg Leu 185 190 195	810
caa agt aaa aga aac cat acc tta gct gaa gag atc gtg ggt gga att Gln Ser Lys Arg Asn His Thr Leu Ala Glu Glu Ile Val Gly Gly Ile 200 205 210	858
tgt tca tat att ata gca agt ttc ttg ttt gga att cta agt tca aaa Cys Ser Tyr Ile Ile Ala Ser Phe Leu Phe Gly Ile Leu Ser Ser Lys 215 220 225	906
ctg att caa ttt tgg atg tca act gtt ttt ggt gat gat gtc aat cat Leu Ile Gln Phe Trp Met Ser Thr Val Phe Gly Asp Asp Val Asn His 230 235 240	954
ata agt ctc atc ttt tca att ctg tat ctc atc ttt tat att tgt gag Ile Ser Leu Ile Phe Ser Ile Leu Tyr Leu Ile Phe Tyr Ile Cys Glu 245 250 255 260	1002
tta gtt gga atg tca gga ata ttt act ctg gcc att gtg gga ctt ctt Leu Val Gly Met Ser Gly Ile Phe Thr Leu Ala Ile Val Gly Leu Leu 265 270 275	1050

06.10.04

XPs.ST25.txt

tta aat tct aca agt ttt aaa gca gca att gaa gaa aca ctt ctt ctt	1098
Leu Asn Ser Thr 280 Ser Phe Lys Ala Ala Ile Glu Glu Thr 290 Leu Leu	
gaa ttt ctg acc ctt ctt tta ata agc cct gtt ttg tct cga gtt ggt	1146
Glu Phe Leu 295 Thr Leu Leu Leu Ile 300 Ser Pro Val Leu Ser 305 Arg Val Gly	
cat gag ttc agt tgg cgc tgg ata ttc ata atg gtc tgt agt gaa atg	1194
His Glu Phe 310 Ser Trp Arg Trp 315 Ile Phe Ile Met Val 320 Cys Ser Glu Met	
aag ggg atg cct aat ata aac atg gcc ctt ctg ctt gcc tac tct gat	1242
Lys Gly Met Pro Asn Ile 330 Met Ala Leu Leu Leu Ala Tyr Ser Asp 340	
ctt tat ttt gga tct gac aaa gaa aaa tct caa ata tta ttt cat gga	1290
Leu Tyr Phe Gly 345 Ser Asp Lys Glu Lys Ser 350 Gln Ile Leu Phe His 355 Gly	
gtg tta gta tgc cta ata acc ctt gtt gtc aat aga ttt att ttg cca	1338
Val Leu Val Cys 360 Leu Ile Thr Leu Val 365 Val Asn Arg Phe Ile 370 Leu Pro	
gtg gca gtt act ata cta ggt ctt cgt gat gcc aca tca aca aaa tat	1386
Val Ala Val Thr 375 Ile Leu Gly Leu Arg Asp Ala Thr 385 Ser Thr Lys Tyr	
aaa tcg gtt tgt tgc aca ttt caa cac ttt caa gag cta acc aag tct	1434
Lys Ser Val Cys Cys Thr 395 Phe Gln His Phe Gln 400 Glu Leu Thr Lys Ser	
gca gcc tct gcc ctt aaa ttt gac aaa gat ctt gct aat gct gat tgg	1482
Ala Ala Ser Ala Leu 410 Lys Phe Asp Lys Asp Leu 415 Ala Asn Ala Asp Trp 420	
aac atg att gag aaa gca att aca ctt gaa aac cca tac atg ttg aac	1530
Asn Met Ile Glu 425 Lys Ala Ile Thr Leu Glu 430 Asn Pro Tyr Met Leu Asn 435	
gaa gaa gaa aca aca gaa cat cag aag gtg aaa tgt cca cac tgt aac	1578
Glu Glu Glu Thr 440 Thr Glu His Gln Lys 445 Val Lys Cys Pro His 450 Cys Asn	
aag gaa ata gat gag atc ttt aac act gaa gca atg gag ctg gcc aac	1626
Lys Glu Ile Asp Glu Ile Phe 460 Asn Thr Glu Ala Met Glu 465 Leu Ala Asn	
agg cgt ctc ttg tca gca caa ata gca agc tac cag aga caa tac agg	1674
Arg Arg Leu Leu Ser 475 Ala Gln Ile Ala Ser Tyr 480 Gln Arg Gln Tyr Arg	
aat gag att ctg tcc cag agt gct gtc cag gtg ttg gtt ggt gca gca	1722
Asn Glu Ile Leu Ser 490 Gln Ser Ala Val Gln Val 495 Leu Val Gly Ala Ala 500	
gaa agt ttt ggt gag aag aag gga aaa tgt atg agt ctt gat aca ata	1770
Glu Ser Phe Gly 505 Glu Lys Lys Gly Lys 510 Cys Met Ser Leu Asp Thr 515 Ile	
aag aat tat tct gaa agc caa aaa aca gtt acc ttt gct aga aaa cta	1818
Lys Asn Tyr Ser 520 Glu Ser Gln Lys Thr 525 Val Thr Phe Ala 530 Arg Lys Leu	
cta ctt aat tgg gtg tat aat acc aga aag gaa aaa gag ggc cca tca	1866
Leu Leu Asn 535 Trp Val Tyr Asn Thr 540 Arg Lys Glu Lys 545 Glu Gly Pro Ser	

08.10.04

XPs.ST25.txt

aaa tac ttc ttt ttt cgt ata tgc cat aca ata gta ttt act gag gaa Lys Tyr Phe Phe Phe Arg Ile Cys His Thr Ile Val Phe Thr Glu Glu 550 555 560	1914
ttt gaa cat gtt gga tac ctt gtg ata tta atg aat ata ttt ccc ttt Phe Glu His Val Gly Tyr Leu Val Ile Leu Met Asn Ile Phe Pro Phe 565 570 575 580	1962
ata atc tct tgg ata tcc cag tta aat gta atc tac cac agc gaa tta Ile Ile Ser Trp Ile Ser Gln Leu Asn Val Ile Tyr His Ser Glu Leu 585 590 595	2010
aaa cac act aac tac tgt ttt ctt aca ctt tat att cta gag gca cta Lys His Thr Asn Tyr Cys Phe Leu Thr Leu Tyr Ile Leu Glu Ala Leu 600 605 610	2058
ctt aag ata gca gca atg agg aag gac ttt ttt tca cat gcc tgg aac Leu Lys Ile Ala Ala Met Arg Lys Asp Phe Phe Ser His Ala Trp Asn 615 620 625	2106
ata ttc gag tta gca att aca tta att ggc atc tta cat gta ata ctt Ile Phe Glu Leu Ala Ile Thr Leu Ile Gly Ile Leu His Val Ile Leu 630 635 640	2154
ttt gaa ata gac acc att aag tat att ttt aat gag act gaa gta ata Ile Glu Ile Asp Thr Ile Lys Tyr Ile Phe Asn Glu Thr Glu Val Ile 645 650 655 660	2202
gtc ttt ata aaa gtt gtt caa ttt ttt cgt ata cta cgc att ttc aag Val Phe Ile Lys Val Val Gln Phe Phe Arg Ile Leu Arg Ile Phe Lys 665 670 675	2250
ctc ata gca cca aag ttg ctg caa ata ata gat aaa aga atg agt cat Leu Ile Ala Pro Lys Leu Leu Gln Ile Ile Asp Lys Arg Met Ser His 680 685 690	2298
cag aag acc ttt tgg tat gga ata cta aaa ggc tat gtc caa ggc gaa Gln Lys Thr Phe Trp Tyr Gly Ile Leu Lys Gly Tyr Val Gln Gly Glu 695 700 705	2346
gca gac ata atg acc ata att gat cag att aca agt tct aaa cag att Ala Asp Ile Met Thr Ile Ile Asp Gln Ile Thr Ser Ser Lys Gln Ile 710 715 720	2394
aaa cag atg tta tta aag caa gtg ata agg aat atg gaa cat gct ata Lys Gln Met Leu Leu Lys Gln Val Ile Arg Asn Met Glu His Ala Ile 725 730 735 740	2442
aaa gag cta ggc tac tta gag tat gat cac cca gaa att gct gtc act Lys Glu Leu Gly Tyr Leu Glu Tyr Asp His Pro Glu Ile Ala Val Thr 745 750 755	2490
gtg aaa aca aag gaa gaa att aat gtt atg ctc aat atg gct aca gaa Val Lys Thr Lys Glu Glu Ile Asn Val Met Leu Asn Met Ala Thr Glu 760 765 770	2538
att ctt aag gct ttt ggc tta aaa gga att att agt aaa act gaa ggt Ile Leu Lys Ala Phe Gly Leu Lys Gly Ile Ile Ser Lys Thr Glu Gly 775 780 785	2586
gct gga att aat aag tta atc atg gcc aaa aag aaa gag gtg ctt gat Ala Gly Ile Asn Lys Leu Ile Met Ala Lys Lys Lys Glu Val Leu Asp 790 795 800	2634
tct caa tct att atc agg cct ctt act gtt gaa gaa gtt cta tat cat Ser Gln Ser Ile Ile Arg Pro Leu Thr Val Glu Glu Val Leu Tyr His 805 810 815 820	2682

05.10.04

XPs.ST25.txt

att ccg tgg cta gat aaa aac aaa gat tat ata aac ttc att cag gaa Ile Pro Trp Leu Asp Lys Asn Lys Asp Tyr Ile Asn Phe Ile Gln Glu 825 830 835	2730
aaa gcc aaa gtt gta aca ttt gat tgt gga aat gat ata ttt gaa gaa Lys Ala Lys Val Val Thr Phe Asp Cys Gly Asn Asp Ile Phe Glu Glu 840 845 850	2778
ggt gat gag ccc aaa gga atc tat atc att att tca ggc atg gta aag Gly Asp Glu Pro Lys Gly Ile Tyr Ile Ile Ile Ser Gly Met Val Lys 855 860 865	2826
ctt gaa aaa tca aag cca ggt tta ggg att gat caa atg gtg gag tca Leu Glu Lys Ser Lys Pro Gly Leu Gly Ile Asp Gln Met Val Glu Ser 870 875 880	2874
aag gag aaa gat ttt ccg ata att gac aca gac tat atg ctc agt gga Lys Glu Lys Asp Phe Pro Ile Ile Asp Thr Asp Tyr Met Leu Ser Gly 885 890 895 900	2922
gaa ata ata gga gag ata aac tgc tta act aat gaa cct atg aaa tat Glu Ile Ile Gly Glu Ile Asn Cys Leu Thr Asn Glu Pro Met Lys Tyr 905 910 915	2970
ctt gcc acc tgc aaa act gta gtg gag aca tgt ttt att ccc aaa act Ser Ala Thr Cys Lys Thr Val Val Glu Thr Cys Phe Ile Pro Lys Thr 920 925 930	3018
cac ttg tat gat gct ttt gag caa tgc tct cct ctc att aaa caa aaa His Leu Tyr Asp Ala Phe Glu Gln Cys Ser Pro Leu Ile Lys Gln Lys 935 940 945	3066
atg tgg cta aaa ctt gga ctc gct att aca gcc aga aaa atc aga gaa Met Trp Leu Lys Leu Gly Leu Ala Ile Thr Ala Arg Lys Ile Arg Glu 950 955 960	3114
cac tta tct tat gag gat tgg aac tac aat atg caa cta aag ctc tct His Leu Ser Tyr Glu Asp Trp Asn Tyr Asn Met Gln Leu Lys Leu Ser 965 970 975 980	3162
aat att tat gta gta gat ata cca atg agt acc aaa act gat att tat Asn Ile Tyr Val Val Asp Ile Pro Met Ser Thr Lys Thr Asp Ile Tyr 985 990 995	3210
gat gaa aat cta atc tat gtt atc ctc ata cat gga gct gta gaa asp Glu Asn Leu Ile Tyr Val Ile Leu Ile His Gly Ala Val Glu 1000 1005 1010	3255
gat tgt ctg tta cga aaa act tat aga gca cct ttc tta att cct Asp Cys Leu Leu Arg Lys Thr Tyr Arg Ala Pro Phe Leu Ile Pro 1015 1020 1025	3300
ata aca tgc cat cag ata caa agt att gaa gat ttc aca aaa gta Ile Thr Cys His Gln Ile Gln Ser Ile Glu Asp Phe Thr Lys Val 1030 1035 1040	3345
gtg att att caa act ccg att aac atg aaa aca ttc aga agg aat Val Ile Ile Gln Thr Pro Ile Asn Met Lys Thr Phe Arg Arg Asn 1045 1050 1055	3390
att aga aag ttt gtt cct aaa cat aaa agt tat ctt aca cca gga Ile Arg Lys Phe Val Pro Lys His Lys Ser Tyr Leu Thr Pro Gly 1060 1065 1070	3435
tta ata ggt tca gtt gga aca ttg gaa gaa ggc att caa gaa gaa Leu Ile Gly Ser Val Gly Thr Leu Glu Glu Gly Ile Gln Glu Glu 1075 1080 1085	3480

05.10.04

XPs.ST25.txt
 aga aat gtt aag gag gat gga gca cac agt gcc gcc act gcc agg 3525
 Arg Asn Val Lys Glu Asp Gly Ala His Ser Ala Ala Thr Ala Arg
 1090 1100
 agt ccc cag cct tgc tcc ctg ctg ggg aca aag ttc aac tgt aag 3570
 Ser Pro Gln Pro Cys Ser Leu Leu Gly Thr Lys Phe Asn Cys Lys
 1105 1110 1115
 gag tcc cct aga ata aac cta agg aaa gtc agg aaa gag taa 3612
 Glu Ser Pro Arg Ile Asn Leu Arg Lys Val Arg Lys Glu
 1120 1125
 gactgttaag aagaccgaag catgtattaa tgctgtggct atgagaggcc tcctgctgca 3672
 gaaacacact tccctacatc aagaaggagt aacttcaggt tggatcctgt gtggatgatc 3732
 ttggtgctaa gcagaaaaga aatttggacc ttgaaaccag cagttcaaca tatatacttt 3792
 ttgcaaaatt tccttgattt aaaatatattg ttattttaaa tatacaaaac attttagaaa 3852
 atcttagagt aaattttagt cttaaagcca gaaaataagt ttatagccat ctagatattt 3912
 catattgc tcctacagca ataatggttt ggttcacttt atgaaaaata aaatgtatta 3972
 aaatat 3978

<210> 148
 <211> 1129
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 148

Met Ala Gly Ile Phe Lys Glu Phe Phe Phe Ser Thr Glu Asp Leu Pro
 1 5 10 15

Glu Val Ile Leu Thr Leu Ser Leu Ile Ser Ser Ile Gly Ala Phe Leu
 20 25 30

Asn Arg His Leu Glu Asp Phe Pro Ile Pro Val Pro Val Ile Leu Phe
 35 40 45

Leu Leu Gly Cys Ser Phe Glu Val Leu Ser Phe Thr Ser Ser Gln Val
 50 55 60

Gln Arg Tyr Ala Asn Ala Ile Gln Trp Met Ser Pro Asp Leu Phe Phe
 65 70 75 80

Arg Ile Phe Thr Pro Val Val Phe Phe Thr Thr Ala Phe Asp Met Asp
 85 90 95

Thr Tyr Met Leu Gln Lys Leu Phe Trp Gln Ile Leu Leu Ile Ser Ile
 100 105 110

Pro Gly Phe Leu Val Asn Tyr Ile Leu Val Leu Trp His Leu Ala Ser
 115 120 125

Val Asn Gln Leu Leu Leu Lys Pro Thr Gln Trp Leu Leu Phe Ser Ala
 130 135 140

05.10.04

XPs.ST25.txt

Ile Leu Val Ser Ser Asp Pro Met Leu Thr Ala Ala Ala Ile Arg Asp
145 150 155 160

Leu Gly Leu Ser Arg Ser Leu Ile Ser Leu Ile Asn Gly Glu Ser Leu
165 170 175

Met Thr Ser Val Ile Ser Leu Ile Thr Phe Thr Ser Ile Met Asp Phe
180 185 190

Asp Gln Arg Leu Gln Ser Lys Arg Asn His Thr Leu Ala Glu Glu Ile
195 200 205

Val Gly Gly Ile Cys Ser Tyr Ile Ile Ala Ser Phe Leu Phe Gly Ile
210 215 220

Leu Ser Ser Lys Leu Ile Gln Phe Trp Met Ser Thr Val Phe Gly Asp
225 230 235 240

Asp Val Asn His Ile Ser Leu Ile Phe Ser Ile Leu Tyr Leu Ile Phe
245 250 255

Tyr Ile Cys Glu Leu Val Gly Met Ser Gly Ile Phe Thr Leu Ala Ile
260 265 270

Val Gly Leu Leu Leu Asn Ser Thr Ser Phe Lys Ala Ala Ile Glu Glu
275 280 285

Thr Leu Leu Leu Glu Phe Leu Thr Leu Leu Leu Ile Ser Pro Val Leu
290 295 300

Ser Arg Val Gly His Glu Phe Ser Trp Arg Trp Ile Phe Ile Met Val
305 310 315 320

Lys Ser Glu Met Lys Gly Met Pro Asn Ile Asn Met Ala Leu Leu Leu
325 330 335

Ala Tyr Ser Asp Leu Tyr Phe Gly Ser Asp Lys Glu Lys Ser Gln Ile
340 345 350

Leu Phe His Gly Val Leu Val Cys Leu Ile Thr Leu Val Val Asn Arg
355 360 365

Phe Ile Leu Pro Val Ala Val Thr Ile Leu Gly Leu Arg Asp Ala Thr
370 375 380

Ser Thr Lys Tyr Lys Ser Val Cys Cys Thr Phe Gln His Phe Gln Glu
385 390 395 400

Leu Thr Lys Ser Ala Ala Ser Ala Leu Lys Phe Asp Lys Asp Leu Ala
405 410 415

05.10.04

XP5.ST25.txt

Asn Ala Asp Trp Asn Met Ile Glu Lys Ala Ile Thr Leu Glu Asn Pro
420 425 430

Tyr Met Leu Asn Glu Glu Glu Thr Thr Glu His Gln Lys Val Lys Cys
435 440 445

Pro His Cys Asn Lys Glu Ile Asp Glu Ile Phe Asn Thr Glu Ala Met
450 455 460

Glu Leu Ala Asn Arg Arg Leu Leu Ser Ala Gln Ile Ala Ser Tyr Gln
465 470 475 480

Arg Gln Tyr Arg Asn Glu Ile Leu Ser Gln Ser Ala Val Gln Val Leu
485 490 495

Val Gly Ala Ala Glu Ser Phe Gly Glu Lys Lys Gly Lys Cys Met Ser
500 505 510

Leu Asp Thr Ile Lys Asn Tyr Ser Glu Ser Gln Lys Thr Val Thr Phe
515 520 525

Ala Arg Lys Leu Leu Leu Asn Trp Val Tyr Asn Thr Arg Lys Glu Lys
530 535 540

Glu Gly Pro Ser Lys Tyr Phe Phe Phe Arg Ile Cys His Thr Ile Val
545 550 555 560

Phe Thr Glu Glu Phe Glu His Val Gly Tyr Leu Val Ile Leu Met Asn
565 570 575

Ile Phe Pro Phe Ile Ile Ser Trp Ile Ser Gln Leu Asn Val Ile Tyr
580 585 590

As Ser Glu Leu Lys His Thr Asn Tyr Cys Phe Leu Thr Leu Tyr Ile
595 600 605

Leu Glu Ala Leu Leu Lys Ile Ala Ala Met Arg Lys Asp Phe Phe Ser
610 615 620

His Ala Trp Asn Ile Phe Glu Leu Ala Ile Thr Leu Ile Gly Ile Leu
625 630 635 640

His Val Ile Leu Ile Glu Ile Asp Thr Ile Lys Tyr Ile Phe Asn Glu
645 650 655

Thr Glu Val Ile Val Phe Ile Lys Val Val Gln Phe Phe Arg Ile Leu
660 665 670

Arg Ile Phe Lys Leu Ile Ala Pro Lys Leu Leu Gln Ile Ile Asp Lys
675 680 685

05.10.04

XPSt25.txt

Arg Met Ser His Gln Lys Thr Phe Trp Tyr Gly Ile Leu Lys Gly Tyr
690 695 700

Val Gln Gly Glu Ala Asp Ile Met Thr Ile Ile Asp Gln Ile Thr Ser
705 710 715 720

Ser Lys Gln Ile Lys Gln Met Leu Leu Lys Gln Val Ile Arg Asn Met
725 730 735

Glu His Ala Ile Lys Glu Leu Gly Tyr Leu Glu Tyr Asp His Pro Glu
740 745 750

Ile Ala Val Thr Val Lys Thr Lys Glu Glu Ile Asn Val Met Leu Asn
755 760 765

Met Ala Thr Glu Ile Leu Lys Ala Phe Gly Leu Lys Gly Ile Ile Ser
770 775 780

Lys Thr Glu Gly Ala Gly Ile Asn Lys Leu Ile Met Ala Lys Lys Lys
785 790 795 800

Glu Val Leu Asp Ser Gln Ser Ile Ile Arg Pro Leu Thr Val Glu Glu
805 810 815

Val Leu Tyr His Ile Pro Trp Leu Asp Lys Asn Lys Asp Tyr Ile Asn
820 825 830

Phe Ile Gln Glu Lys Ala Lys Val Val Thr Phe Asp Cys Gly Asn Asp
835 840 845

Ile Phe Glu Glu Gly Asp Glu Pro Lys Gly Ile Tyr Ile Ile Ile Ser
850 855 860

Ile Met Val Lys Leu Glu Lys Ser Lys Pro Gly Leu Gly Ile Asp Gln
865 870 875 880

Met Val Glu Ser Lys Glu Lys Asp Phe Pro Ile Ile Asp Thr Asp Tyr
885 890 895

Met Leu Ser Gly Glu Ile Ile Gly Glu Ile Asn Cys Leu Thr Asn Glu
900 905 910

Pro Met Lys Tyr Ser Ala Thr Cys Lys Thr Val Val Glu Thr Cys Phe
915 920 925

Ile Pro Lys Thr His Leu Tyr Asp Ala Phe Glu Gln Cys Ser Pro Leu
930 935 940

Ile Lys Gln Lys Met Trp Leu Lys Leu Gly Leu Ala Ile Thr Ala Arg
945 950 955 960

05.10.04

XPs.ST25.txt

Lys Ile Arg Glu His Leu Ser Tyr Glu Asp Trp Asn Tyr Asn Met Gln
965 970 975

Leu Lys Leu Ser Asn Ile Tyr Val Val Asp Ile Pro Met Ser Thr Lys
980 985 990

Thr Asp Ile Tyr Asp Glu Asn Leu Ile Tyr Val Ile Leu Ile His Gly
995 1000 1005

Ala Val Glu Asp Cys Leu Leu Arg Lys Thr Tyr Arg Ala Pro Phe
1010 1015 1020

Leu Ile Pro Ile Thr Cys His Gln Ile Gln Ser Ile Glu Asp Phe
1025 1030 1035

Thr Lys Val Val Ile Ile Gln Thr Pro Ile Asn Met Lys Thr Phe
1040 1045 1050

Arg Arg Asn Ile Arg Lys Phe Val Pro Lys His Lys Ser Tyr Leu
1055 1060 1065

Thr Pro Gly Leu Ile Gly Ser Val Gly Thr Leu Glu Glu Gly Ile
1070 1075 1080

Gln Glu Glu Arg Asn Val Lys Glu Asp Gly Ala His Ser Ala Ala
1085 1090 1095

Thr Ala Arg Ser Pro Gln Pro Cys Ser Leu Leu Gly Thr Lys Phe
1100 1105 1110

Asn Cys Lys Glu Ser Pro Arg Ile Asn Leu Arg Lys Val Arg Lys
1115 1120 1125

u

<210> 149
<211> 308
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (86)..(274)
<223>

<400> 149
cttctgcaaa gatctatttg tttagccatg ttcaaatt ggcctaaaat gttcacaggt 60

tccaggataa ccagatgact gagga atg ttg aag att gca gtg atg gaa gtg 112
Met Leu Lys Ile Ala Val Met Glu Val
1 5

cct cag tca gcc tgg aag act gta tgg atg gag gtt gcc tgg tca cac 160
seite 230

05.10.04

XPs.ST25.txt

```
Pro Gln Ser Ala Trp Lys Thr Val Trp Met Glu Val Ala Trp Ser His
10 15 20 25
tgt cat gtc cct ctc tcc ctg aaa aag aga cac att tgc ctt tgt gca 208
Cys His Val Pro Leu Ser Leu Lys Lys Arg His Ile Cys Leu Cys Ala
30 35 40
agg caa tac ata cat ttg atc tat gta tac act ttg gtc tat gca ttc 256
Arg Gln Tyr Ile His Leu Ile Tyr Val Tyr Thr Leu Val Tyr Ala Phe
45 50 55
tgt tat tta aca ttc taa taatgttgat gaccttaaaa tatgcttgac aatg 308
Cys Tyr Leu Thr Phe
60
```

<210> 150
<211> 62
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 150

```
Met Leu Lys Ile Ala Val Met Glu Val Pro Gln Ser Ala Trp Lys Thr
5 10 15
Val Trp Met Glu Val Ala Trp Ser His Cys His Val Pro Leu Ser Leu
20 25 30
Lys Lys Arg His Ile Cys Leu Cys Ala Arg Gln Tyr Ile His Leu Ile
35 40 45
Tyr Val Tyr Thr Leu Val Tyr Ala Phe Cys Tyr Leu Thr Phe
50 55 60
```

<210> 151
<211> 450
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(450)
<223>

```
<400> 151
atg agt gac tcc cgt ctg acc aca act ctg gcc aca att ttt ctg ctg 48
Met Ser Asp Ser Arg Leu Thr Thr Thr Leu Ala Thr Ile Phe Leu Leu
1 5 10 15
cga ggg tct aag ccc act gac ctc atc acc tgt cac ctg gcc ctt gtc 96
Arg Gly Ser Lys Pro Thr Asp Leu Ile Thr Cys His Leu Ala Leu Val
20 25 30
cac tta gtg atg ctc ctc act gtg agc ttc ttg gca tct cca gac ctg 144
His Leu Val Met Leu Leu Thr Val Ser Phe Leu Ala Ser Pro Asp Leu
35 40 45
ttt gag tca cag tat ttt cag aat gac ttc aag cat gtc ttc ttt gta 192
Phe Glu Ser Gln Tyr Phe Gln Asn Asp Phe Lys His Val Phe Phe Val
50 55 60
gca atc atg ttt ctc tca agg gca tac atg gta att att ttg tcc aga 240
Ala Ile Met Phe Leu Ser Arg Ala Tyr Met Val Ile Ile Leu Ser Arg
```

05.10.04

XPs.ST25.txt
75

65	70		80	
cat cag aga caa ccc cag tac ctt ccc agc acc aac ctc tct gca aaa				288
His Gln Arg Gln Pro Gln Tyr Leu Pro Ser Thr Asn Leu Ser Ala Lys				
	85		95	
gcc tcc cca gag aaa agg gcc aca cag acc att ctg ttg ctg gtg agt				336
Ala Ser Pro Glu Lys Arg Ala Thr Gln Thr Ile Leu Leu Leu Val Ser				
	100		110	
tgc tct gtg gtc atg tac tgg gtg gac ctt atc atc tca tca tcc tca				384
Cys Ser Val Val Met Tyr Trp Val Asp Leu Ile Ile Ser Ser Ser Ser				
	115		125	
acc ctg tta tgg gct tat gac tca gtc atc gtg ggt gtc cag atg ctt				432
Thr Leu Leu Trp Ala Tyr Asp Ser Val Ile Val Gly Val Gln Met Leu				
	130		140	
gtg ggc aat ttc tgt tag				450
Val Gly Asn Phe Cys				
	145			

<10> 152
<211> 149
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 152

Met Ser Asp Ser Arg Leu Thr Thr Thr Leu Ala Thr Ile Phe Leu Leu
1 5 10 15

Arg Gly Ser Lys Pro Thr Asp Leu Ile Thr Cys His Leu Ala Leu Val
20 25 30

His Leu Val Met Leu Leu Thr Val Ser Phe Leu Ala Ser Pro Asp Leu
35 40 45

Phe Glu Ser Gln Tyr Phe Gln Asn Asp Phe Lys His Val Phe Phe Val
50 55 60

Ala Ile Met Phe Leu Ser Arg Ala Tyr Met Val Ile Ile Leu Ser Arg
65 70 75 80

His Gln Arg Gln Pro Gln Tyr Leu Pro Ser Thr Asn Leu Ser Ala Lys
85 90 95

Ala Ser Pro Glu Lys Arg Ala Thr Gln Thr Ile Leu Leu Leu Val Ser
100 105 110

Cys Ser Val Val Met Tyr Trp Val Asp Leu Ile Ile Ser Ser Ser Ser
115 120 125

Thr Leu Leu Trp Ala Tyr Asp Ser Val Ile Val Gly Val Gln Met Leu
130 135 140

Val Gly Asn Phe Cys
145

08.10.04

XP5.ST25.txt

<210> 153
<211> 594
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(594)
<223>

<400> 153
atg gta tct ctc cat gag tgc ctc ata gag gag gtg atg tca gag cag 48
Met Val Ser Leu His Glu Cys Leu Ile Glu Glu Val Met Ser Glu Gln
1 5 10 15
ggt ttt gag gaa tgg aaa gca tct gca aag gag att atg aga gaa gct 96
Gly Phe Glu Glu Trp Lys Ala Ser Ala Lys Glu Ile Met Arg Glu Ala
20 25 30
cat ggc aaa gac aag agc agc agc aaa tgt gga gga aat tgc aag ctg 144
His Gly Lys Asp Lys Ser Ser Ser Lys Cys Gly Gly Asn Cys Lys Leu
35 40 45
ccc caa gga cga aat gca gca gcc cag gcc tcg aga ctc agg aaa acc 192
Ser Gln Gly Arg Asn Ala Ala Ala Gln Gly Ser Arg Leu Arg Lys Thr
50 55 60
aac tca acg tgc ata att tgg caa tta ttt ctt gtg ttc atc ctc acg 240
Asn Ser Thr Cys Ile Ile Trp Gln Leu Phe Leu Val Phe Ile Leu Thr
65 70 75 80
gcc gtg gct gca tac aga tat tgg aat ttg cat aaa aca atc ttg cta 288
Ala Val Ala Ala Tyr Arg Tyr Trp Asn Leu His Lys Thr Ile Leu Leu
85 90 95
cca gtc cca cgg ctt cct ggg aag aag acg ccc agc ccc acg ggg tca 336
Pro Val Pro Arg Leu Pro Gly Lys Lys Thr Pro Ser Pro Thr Gly Ser
100 105 110
gcc aag gag gcc ctg ggt gtc cgg gac cac agc tgg agc ctg ctc ttc 384
Ala Lys Glu Ala Leu Gly Val Arg Asp His Ser Trp Ser Leu Leu Phe
115 120 125
aga cac caa aca tct ggc tgc tgg ttt ccg gag cta cag aca ggc cat 432
Gly His Gln Thr Ser Gly Cys Trp Phe Pro Glu Leu Gln Thr Gly His
130 135 140
ggg gag gga ggc ccc ttg aga acg cct ctg tct cat ctt ccc cag gag 480
Gly Glu Gly Gly Pro Leu Arg Thr Pro Leu Ser His Leu Pro Gln Glu
145 150 155 160
gct cca ggc cag gat ctg ctt aca cag aaa gga aga aaa tcc tgt cct 528
Ala Pro Gly Gln Asp Leu Leu Thr Gln Lys Gly Arg Lys Ser Cys Pro
165 170 175
cca tct ccc gtg ctc agt gtt aga aaa ggg acc ttc ctg gtt gag gaa 576
Pro Ser Pro Val Leu Ser Val Arg Lys Gly Thr Phe Leu Val Glu Glu
180 185 190
gac ata gat gcc tac tga 594
Asp Ile Asp Ala Tyr
195

<210> 154
<211> 197

05.10.04

XPs.ST25.txt

<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 154

Met Val Ser Leu His Glu Cys Leu Ile Glu Glu Val Met Ser Glu Gln
1 5 10 15

Gly Phe Glu Glu Trp Lys Ala Ser Ala Lys Glu Ile Met Arg Glu Ala
20 25 30

His Gly Lys Asp Lys Ser Ser Ser Lys Cys Gly Gly Asn Cys Lys Leu
35 40 45

Ser Gln Gly Arg Asn Ala Ala Ala Gln Gly Ser Arg Leu Arg Lys Thr
50 55 60

Asn Ser Thr Cys Ile Ile Trp Gln Leu Phe Leu Val Phe Ile Leu Thr
65 70 75 80

Ala Val Ala Ala Tyr Arg Tyr Trp Asn Leu His Lys Thr Ile Leu Leu
85 90 95

Pro Val Pro Arg Leu Pro Gly Lys Lys Thr Pro Ser Pro Thr Gly Ser
100 105 110

Ala Lys Glu Ala Leu Gly Val Arg Asp His Ser Trp Ser Leu Leu Phe
115 120 125

Gly His Gln Thr Ser Gly Cys Trp Phe Pro Glu Leu Gln Thr Gly His
130 135 140

Gly Glu Gly Gly Pro Leu Arg Thr Pro Leu Ser His Leu Pro Gln Glu
145 150 155 160

Ala Pro Gly Gln Asp Leu Leu Thr Gln Lys Gly Arg Lys Ser Cys Pro
165 170 175

Pro Ser Pro Val Leu Ser Val Arg Lys Gly Thr Phe Leu Val Glu Glu
180 185 190

Asp Ile Asp Ala Tyr
195

<210> 155
<211> 984
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(984)
<223>

<400> 155

05.10.04

XPSt25.txt

atg acc aga agc cag tta gaa gtc att tct ggc cct aga cac gag gag Met Thr Arg Ser Gln Leu Glu Val Ile Ser Gly Pro Arg His Glu Glu 1 5 10 15	48
tcc ctc ttg aaa ggc cct gtg gga cca gac tta cct tac agg gct gct Ser Leu Leu Lys 20 Gly Pro Val Gly 25 Asp Leu Pro Tyr 30 Arg Ala Ala	96
gct gtc ctg tgg cca tca caa ctg cgt tat cat cgt ggt ctt ggc aag Ala Val Leu 35 Trp Pro Ser Gln 40 Leu Arg Tyr His Arg 45 Leu Gly Lys	144
gag aga aca gag ccc cat tgg att gct tct tgt gga ggc cat ttt gac Glu Arg 50 Thr Glu Pro His 55 Trp Ile Ala Ser Cys 60 Gly Gly His Phe Asp	192
acc gtg cag gtt cgg gta gaa ggt ggt ctg aga att ggt gtg gga agg Thr Val Gln Val Arg Val 70 Glu Gly Gly Leu Arg 75 Ile Gly Val Gly Arg 80	240
ttg tca caa gga ccc agg agt ctg ctg tat ctt caa aaa tgc gtc ctg Leu Ser Gln Gly 85 Pro Arg Ser Leu Leu Tyr 90 Leu Gln Lys Cys Val 95 Leu	288
tca gta ttt ggg ttc ctt aat ttc cct tgt cta atc tgc cat tgt tct Ser Val Phe Gly 100 Phe Leu Asn Phe 105 Pro Cys Leu Ile Cys His Cys Ser	336
tat ggt tat ttt gtt ttc atg gca gtg att aag ggg aga atc agc tgt Tyr Gly Tyr 115 Phe Val Phe Met Ala Val Ile Lys Gly Arg Ile Ser Cys 125	384
cac acc aag cac atg cca tgt ttc ccg agg gga caa tct ggg ttg att His Thr Lys His Met Pro Cys 135 Phe Pro Arg Gly Gln Ser Gly Leu Ile 140	432
cgc ttt ccc aga cag tgc ttt tgc act gac tcc ttt gac cct ttt gtc Arg Phe Pro Arg Gln 150 Phe Cys Thr Asp Ser 155 Phe Asp Pro Phe Val 160	480
cct ctc ttt tca ctg ggt tgc tat cat ttc tgc cac cag agc ctt gtt Pro Leu Phe Ser 165 Leu Gly Cys Tyr His Phe 170 Cys His Gln Ser 175 Leu Val	528
ttt gag gcc aaa acc ccc acc acc atg gaa gac cca gat gtc cta cag Leu Glu Ala Lys 180 Thr Pro Thr Thr Met 185 Glu Asp Pro Asp Val 190 Leu Gln	576
gcc tct ttg gaa aac act gta agc aga att cac cca gct gtt ggg cgc Ala Ser Leu 195 Glu Asn Thr Val Ser 200 Arg Ile His Pro Ala Val Gly Arg 205	624
cag cag caa gtt ctc caa agc agc tcc gcg ctg agc agg agc tgg gct Gln Gln Gln Val Leu Gln 215 Ser Ser Ser Ala Leu Ser Arg Ser Trp Ala 220	672
gga ggt gga ggg ctg aga gcc cct gac ttg gct atc cag gca gga agc Gly Gly Gly Gly Leu Arg 230 Ala Pro Asp Leu Ala 235 Ile Gln Ala Gly Ser 240	720
cgc cta tcc cac agc aga cct ggt cct cca gag aca gct ccc cag atg Arg Leu Ser His 245 Ser Arg Pro Gly Pro 250 Pro Glu Thr Ala Pro Gln Met 255	768
ggt gac ttt cca tac tat att caa atc ggg ttt aga gtc cag ggc ttg Gly Asp Phe 260 Pro Tyr Tyr Ile Gln 265 Gly Phe Arg Val Gln Gly Leu 270	816

05-10-04

XPS.ST25.txt
 tcc tgt tat atc acc ttt tca tct aca ccc act gtc acc aat agg acg 864
 Ser Cys Tyr Ile Thr Phe Ser Ser Thr Pro Thr Val Thr Asn Arg Thr
 275 280 285
 aat ctg ctt tgc cat atg ctt ttc aaa ggc tct gac aag ctt gga atg 912
 Asn Leu Leu Cys His Met Leu Phe Lys Gly Ser Asp Lys Leu Gly Met
 290 295 300
 gtt tca aag gaa ttc cta aac cca gat ttc att atc gtc att aca tct 960
 Val Ser Lys Glu Phe Leu Asn Pro Asp Phe Ile Ile Val Ile Thr Ser
 305 310 315 320
 ccg gat tgt cag tgc tct gca tag 984
 Pro Asp Cys Gln Cys Ser Ala

<210> 156
 <211> 327
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 156

Met Thr Arg Ser Gln Leu Glu Val Ile Ser Gly Pro Arg His Glu Glu
 1 5 10 15

Ser Leu Leu Lys Gly Pro Val Gly Pro Asp Leu Pro Tyr Arg Ala Ala
 20 25 30

Ala Val Leu Trp Pro Ser Gln Leu Arg Tyr His Arg Gly Leu Gly Lys
 35 40 45

Glu Arg Thr Glu Pro His Trp Ile Ala Ser Cys Gly Gly His Phe Asp
 50 55 60

Thr Val Gln Val Arg Val Glu Gly Gly Leu Arg Ile Gly Val Gly Arg
 65 70 75 80

Leu Ser Gln Gly Pro Arg Ser Leu Leu Tyr Leu Gln Lys Cys Val Leu
 85 90 95

Ser Val Phe Gly Phe Leu Asn Phe Pro Cys Leu Ile Cys His Cys Ser
 100 105 110

Tyr Gly Tyr Phe Val Phe Met Ala Val Ile Lys Gly Arg Ile Ser Cys
 115 120 125

His Thr Lys His Met Pro Cys Phe Pro Arg Gly Gln Ser Gly Leu Ile
 130 135 140

Arg Phe Pro Arg Gln Cys Phe Cys Thr Asp Ser Phe Asp Pro Phe Val
 145 150 155 160

Pro Leu Phe Ser Leu Gly Cys Tyr His Phe Cys His Gln Ser Leu Val
 165 170 175

05.10.04

XPs.ST25.txt

Val Glu Ala Lys Thr Pro Thr Thr Met Glu Asp Pro Asp Val Leu Gln
180 185 190

Ala Ser Leu Glu Asn Thr Val Ser Arg Ile His Pro Ala Val Gly Arg
195 200 205

Gln Gln Gln Val Leu Gln Ser Ser Ser Ala Leu Ser Arg Ser Trp Ala
210 215 220

Gly Gly Gly Gly Leu Arg Ala Pro Asp Leu Ala Ile Gln Ala Gly Ser
225 230 235 240

Arg Leu Ser His Ser Arg Pro Gly Pro Pro Glu Thr Ala Pro Gln Met
245 250 255

Gly Asp Phe Pro Tyr Tyr Ile Gln Ile Gly Phe Arg Val Gln Gly Leu
260 265 270

er Cys Tyr Ile Thr Phe Ser Ser Thr Pro Thr Val Thr Asn Arg Thr
275 280 285

Asn Leu Leu Cys His Met Leu Phe Lys Gly Ser Asp Lys Leu Gly Met
290 295 300

Val Ser Lys Glu Phe Leu Asn Pro Asp Phe Ile Ile Val Ile Thr Ser
305 310 315 320

Pro Asp Cys Gln Cys Ser Ala
325

<210> 157
<211> 659
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (211)..(645)
<223>

<400> 157
agcaaattac accattaatg tcatacctggc gaatgaaaca agagaatagt atttatcaga 60
gaaagtctgg tgagttgaag tccaagaccc caggaaacaa ctagccctgc tgggctgccc 120
ctccttcgga gtgggactat atgatacctca tcaggccaat ccacgtcaca gaatggtcta 180
ggcattggat gagtgcctca atctgagcca atg aag gtc att gct gag aca ttt 234
Met Lys Val Ile Ala Glu Thr Phe
1 5
tac tgg ttg cca ggc tgc agg cat ccc agg ctt cct gct gcc ctc atg 282
Tyr Trp Leu Pro Gly Cys Arg His Pro Arg Leu Pro Ala Ala Leu Met
10 15 20
tct aca acc tgt cgt ctg gaa cat tcc agg agc cac ttt tat cac ttg 330
Ser Thr Thr Cys Arg Leu Glu His Ser Arg Ser His Phe Tyr His Leu
25 30 35 40

05.10.04

XP5.ST25.txt

cag	caa	tct	tct	tca	gtg	agt	tcc	cca	gga	ctt	gat	ttc	atc	tta	caa	378
Gln	Gln	Ser	Ser	Ser	Val	Ser	Ser	Pro	Gly	Leu	Asp	Phe	Ile	Leu	Gln	
				45					50					55		
tct	gat	tcc	atg	tgt	ctc	cca	tat	ttt	aag	gat	tct	tta	tta	ttt	ctg	426
Ser	Asp	Ser	Met	Cys	Leu	Pro	Tyr	Phe	Lys	Asp	Ser	Leu	Leu	Phe	Leu	
			60					65					70			
gct	tac	aga	gaa	caa	aca	tta	ttt	ttt	gct	ttc	ctg	gtc	tgt	tct	aga	474
Ala	Tyr	Arg	Glu	Gln	Thr	Leu	Phe	Phe	Ala	Phe	Leu	Val	Cys	Ser	Arg	
		75					80					85				
ttt	tca	aaa	ata	act	ctg	tca	ctt	ctg	tta	tat	ggg	atc	att	gct	tgt	522
Phe	Ser	Lys	Ile	Thr	Leu	Ser	Leu	Leu	Leu	Tyr	Gly	Ile	Ile	Ala	Cys	
	90					95					100					
aat	tat	cta	ttt	act	tat	ctg	tct	ctg	gac	tgg	act	ctt	tac	aga	cag	570
Asn	Tyr	Leu	Phe	Thr	Tyr	Leu	Ser	Leu	Asp	Trp	Thr	Leu	Tyr	Arg	Gln	
105					110					115					120	
gca	ata	act	aat	tat	ctg	tct	gtc	tgg	cat	ttg	gta	gtc	act	cat	aaa	618
Ala	Ile	Thr	Asn	Tyr	Leu	Ser	Val	Trp	His	Leu	Val	Val	Thr	His	Lys	
				125					130					135		
tcg	ttt	att	gca	tta	cta	act	aaa	taa	aaa	agttgac	cttg					659
Ser	Phe	Ile	Ala	Leu	Leu	Thr	Lys									
			140													

<210> 158
 <211> 144
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 158

Met	Lys	Val	Ile	Ala	Glu	Thr	Phe	Tyr	Trp	Leu	Pro	Gly	Cys	Arg	His
1			5						10					15	
Pro	Arg	Leu	Pro	Ala	Ala	Leu	Met	Ser	Thr	Thr	Cys	Arg	Leu	Glu	His
		20						25					30		
Ser	Arg	Ser	His	Phe	Tyr	His	Leu	Gln	Gln	Ser	Ser	Ser	Val	Ser	Ser
		35					40					45			
Pro	Gly	Leu	Asp	Phe	Ile	Leu	Gln	Ser	Asp	Ser	Met	Cys	Leu	Pro	Tyr
	50					55					60				
Phe	Lys	Asp	Ser	Leu	Leu	Phe	Leu	Ala	Tyr	Arg	Glu	Gln	Thr	Leu	Phe
65					70					75				80	
Phe	Ala	Phe	Leu	Val	Cys	Ser	Arg	Phe	Ser	Lys	Ile	Thr	Leu	Ser	Leu
				85					90					95	
Leu	Leu	Tyr	Gly	Ile	Ile	Ala	Cys	Asn	Tyr	Leu	Phe	Thr	Tyr	Leu	Ser
			100					105					110		
Leu	Asp	Trp	Thr	Leu	Tyr	Arg	Gln	Ala	Ile	Thr	Asn	Tyr	Leu	Ser	Val
		115					120					125			

05.10.04

XPs.ST25.txt

Trp His Leu Val Val Thr His Lys Ser Phe Ile Ala Leu Leu Thr Lys
130 135 140

<210> 159
<211> 969
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(969)
<223>

<400> 159
atg aag gac tgt agg aac aat ggc aag gat tgt caa agt gcc cct gca 48
Met Lys Asp Cys Arg Asn Asn Gly Lys Asp Cys Gln Ser Ala Pro Ala
1 5 10 15
aca cgt agg cac ctc ttc tct gaa gct gcc ctg ccc cct tat cgt ctt 96
Thr Arg Arg His Leu Phe Ser Glu Ala Ala Leu Pro Pro Tyr Arg Leu
20 25 30
ctc caa ggg cac ttc ctc aca gcc ctg ggg ggc ctc atg gcg gtg cca 144
Ser Gln Gly His Phe Leu Thr Ala Leu Gly Gly Leu Met Ala Val Pro
35 40 45
ttc atc ctg gcc aag gac ctg tgc ctg cag cag gac ccc ctg aca cag 192
Phe Ile Leu Ala Lys Asp Leu Cys Leu Gln Gln Asp Pro Leu Thr Gln
50 55 60
agc tac ctc atc agc acc att ttc ttt gct cca gca tct gca tgc tcc 240
Ser Tyr Leu Ile Ser Thr Ile Phe Phe Ala Pro Ala Ser Ala Cys Ser
65 70 75 80
tgc aag ctg ccc att ccc cag gga ggt acg ttt gct ttt gtg gta att 288
Cys Lys Leu Pro Ile Pro Gln Gly Gly Thr Phe Ala Phe Val Val Ile
85 90 95
tct ctg gcc atg ctc tcc ctt ccc tcc tgg aat tgc cct gag tgg aca 336
Ser Leu Ala Met Leu Ser Leu Pro Ser Trp Asn Cys Pro Glu Trp Thr
100 105 110
ctc agt gcc agc cag gtg aac acc aac ttt cca gaa ttc act cag aaa 384
Leu Ser Ala Ser Gln Val Asn Thr Asn Phe Pro Glu Phe Thr Gln Lys
115 120 125
tgg cag aag agg atc caa gag ggt gct atc atg gtc act tcc tgt gtc 432
Trp Gln Lys Arg Ile Gln Glu Gly Ala Ile Met Val Thr Ser Cys Val
130 135 140
cgg atg ctg gtg ggc ttc tca ggc ctg act ggc ttt ctc atg ggt ttc 480
Arg Met Leu Val Gly Phe Ser Gly Leu Thr Gly Phe Leu Met Gly Phe
145 150 155 160
atc tgc tcc ttg gcc gtt gct cca act aac tgc cta gtg gcc ctg ccc 528
Ile Cys Ser Leu Ala Val Ala Pro Thr Asn Cys Leu Val Ala Leu Pro
165 170 175
ctc ttg gat tct gca ggc aat aat gcc ggg atc cag tgg ggg att tct 576
Leu Leu Asp Ser Ala Gly Asn Asn Ala Gly Ile Gln Trp Gly Ile Ser
180 185 190
gcc atg tat tgc ttc gtg ttg cgt ctt cgc aag gat gag ctc tgg cca 624
Ala Met Tyr Cys Phe Val Leu Arg Leu Arg Lys Asp Glu Leu Trp Pro
195 200 205

05.10.04

XPs.ST25.txt

ttt ggt tct cca cgg ctg cgt ttg cca cca tcc cca ccc cgt gat cgg Phe Gly Ser Pro Arg Leu Arg Leu Pro Pro Ser Pro Pro Arg Asp Arg 210 215 220	672
agg cat gtc ccc acc ccc gtg atc gga ggc atg acc ctg ttt ggg gtc Arg His Val Pro Thr Pro Val Ile Gly Gly Met Thr Leu Phe Gly Val 225 230 235 240	720
atc act gcc gtg ggg atc tcc aat ctg cag tac gtg gac atg aac ttg Ile Thr Ala Val Gly Ile Ser Asn Leu Gln Tyr Val Asp Met Asn Leu 245 250 255	768
tcc agg agc ctc ttc gcc ttt ggc ttc tcc atc tac tgt ggg ctc acc Ser Arg Ser Leu Phe Ala Phe Gly Phe Ser Ile Tyr Cys Gly Leu Thr 260 265 270	816
att ccc aac cgg gtg agc aaa aac ccc gag atg ctc cag aca ggg att Ile Pro Asn Arg Val Ser Lys Asn Pro Glu Met Leu Gln Thr Gly Ile 275 280 285	864
ctc cag ccg gac cag gtt gtt cag atg ctg ctg acc atg ggc atg ttc Leu Gln Pro Asp Gln Val Val Gln Met Leu Leu Thr Met Gly Met Phe 290 295 300	912
ctc agt gga ttt ctg ggt ttt ctt cta gac aac acc atc ccc gag ctc Ile Ser Gly Phe Leu Gly Phe Leu Leu Asp Asn Thr Ile Pro Glu Leu 305 310 315 320	960
ctt caa taa Leu Gln	969

<210> 160
<211> 322
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 160

Met Lys Asp Cys Arg Asn Asn Gly Lys Asp Cys Gln Ser Ala Pro Ala
1 5 10 15

Thr Arg Arg His Leu Phe Ser Glu Ala Ala Leu Pro Pro Tyr Arg Leu
20 25 30

Ser Gln Gly His Phe Leu Thr Ala Leu Gly Gly Leu Met Ala Val Pro
35 40 45

Phe Ile Leu Ala Lys Asp Leu Cys Leu Gln Gln Asp Pro Leu Thr Gln
50 55 60

Ser Tyr Leu Ile Ser Thr Ile Phe Phe Ala Pro Ala Ser Ala Cys Ser
65 70 75 80

Cys Lys Leu Pro Ile Pro Gln Gly Gly Thr Phe Ala Phe Val Val Ile
85 90 95

Ser Leu Ala Met Leu Ser Leu Pro Ser Trp Asn Cys Pro Glu Trp Thr
100 105 110

05.10.04

XPs.ST25.txt

Leu Ser Ala Ser Gln Val Asn Thr Asn Phe Pro Glu Phe Thr Gln Lys
115 120 125

Trp Gln Lys Arg Ile Gln Glu Gly Ala Ile Met Val Thr Ser Cys Val
130 135 140

Arg Met. Leu Val Gly Phe Ser Gly Leu Thr Gly Phe Leu Met Gly Phe
145 150 155 160

Ile Cys Ser Leu Ala Val Ala Pro Thr Asn Cys Leu Val Ala Leu Pro
165 170 175

Leu Leu Asp Ser Ala Gly Asn Asn Ala Gly Ile Gln Trp Gly Ile Ser
180 185 190

Ala Met Tyr Cys Phe Val Leu Arg Leu Arg Lys Asp Glu Leu Trp Pro
195 200 205

he Gly Ser Pro Arg Leu Arg Leu Pro Pro Ser Pro Pro Arg Asp Arg
210 215 220

Arg His Val Pro Thr Pro Val Ile Gly Gly Met Thr Leu Phe Gly Val
225 230 235 240

Ile Thr Ala Val Gly Ile Ser Asn Leu Gln Tyr Val Asp Met Asn Leu
245 250 255

Ser Arg Ser Leu Phe Ala Phe Gly Phe Ser Ile Tyr Cys Gly Leu Thr
260 265 270

Ile Pro Asn Arg Val Ser Lys Asn Pro Glu Met Leu Gln Thr Gly Ile
275 280 285

Leu Gln Pro Asp Gln Val Val Gln Met Leu Leu Thr Met Gly Met Phe
290 295 300

Ile Ser Gly Phe Leu Gly Phe Leu Leu Asp Asn Thr Ile Pro Glu Leu
305 310 315 320

Leu Gln

<210> 161
<211> 1611
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1611)
<223>

<400> 161
atg atc gtt caa ctt att gtc atc gcc cag gac aag gac ggc ctg aaa
Seite 241

05.10.04

XPs.ST25.txt

Met	Ile	Val	Gln	Leu	Ile	Val	Ile	Ala	Gln	Asp	Lys	Asp	Gly	Leu	Lys		
1				5					10					15			
ttc	ttg	aga	ctg	gcc	tgg	aga	tgt	agg	aga	gct	ctg	gaa	att	aca	caa		96
Phe	Leu	Arg	Leu	Ala	Trp	Arg	Cys	Arg	Arg	Ala	Leu	Glu	Ile	Thr	Gln		
			20					25					30				
gga	ttc	cac	aac	agc	agc	aca	ata	gcc	cgt	gat	tcg	acc	aag	atg	tca		144
Gly	Phe	His	Asn	Ser	Ser	Thr	Ile	Ala	Arg	Asp	Ser	Thr	Lys	Met	Ser		
		35					40					45					
aaa	tca	gca	tgt	aga	ggg	ctt	tac	aat	ctc	atc	ccc	aaa	ata	aca	gag		192
Lys	Ser	Ala	Cys	Arg	Gly	Leu	Tyr	Asn	Leu	Ile	Pro	Lys	Ile	Thr	Glu		
	50				55						60						
cac	aga	cct	gcc	cgg	ccc	cca	gga	ccc	aca	tta	tct	aag	atc	agt	tgg		240
His	Arg	Pro	Ala	Arg	Pro	Pro	Gly	Pro	Thr	Leu	Ser	Lys	Ile	Ser	Trp		
					70				75						80		
aca	cct	gta	cac	ctg	cat	ggc	ctg	gag	cag	gtg	cca	ggc	act	gtg	gat		288
Thr	Pro	Val	His	Leu	His	Gly	Leu	Glu	Gln	Val	Pro	Gly	Thr	Val	Asp		
				85					90					95			
at	gaa	tgc	gag	aac	ggc	atc	atc	cct	gcc	ctc	ctg	cag	ctt	cac	gac		336
Asp	Glu	Cys	Glu	Asn	Gly	Ile	Ile	Pro	Ala	Leu	Leu	Gln	Leu	His	Asp		
			100					105					110				
cct	aac	tat	aac	agc	acc	acc	cgc	tct	tcc	ggg	gtc	aac	agc	tcc	aag		384
Pro	Asn	Tyr	Asn	Ser	Thr	Thr	Arg	Ser	Ser	Gly	Val	Asn	Ser	Ser	Lys		
		115					120					125					
act	cta	aaa	cta	gaa	cag	cag	acc	agc	ttc	tac	cca	gga	aca	tca	aac		432
Thr	Leu	Lys	Leu	Glu	Gln	Gln	Thr	Ser	Phe	Tyr	Pro	Gly	Thr	Ser	Asn		
	130					135					140						
ttg	aac	tac	aac	agc	ggc	tca	acc	caa	agt	ctc	cag	ctc	ccc	gac	act		480
Leu	Asn	Tyr	Asn	Ser	Gly	Ser	Thr	Gln	Ser	Leu	Gln	Leu	Pro	Asp	Thr		
	145				150					155					160		
aac	tac	aac	agc	agc	acc	agc	tcc	tcc	ctg	gct	cac	cag	ctc	caa	gat		528
Asn	Tyr	Asn	Ser	Ser	Thr	Ser	Ser	Ser	Leu	Ala	His	Gln	Leu	Gln	Asp		
				165					170						175		
cct	caa	acc	aga	aca	gca	gca	ctg	act	cct	gcc	cag	gac	agg	ttc	acc		576
Pro	Gln	Thr	Arg	Thr	Ala	Ala	Leu	Thr	Pro	Ala	Gln	Asp	Arg	Phe	Thr		
			180					185					190				
caa	gtc	ttt	cat	ccc	aag	aag	gtc	ctt	cct	ggc	acc	ttg	tgg	gct	gac		624
Gln	Val	Phe	His	Pro	Lys	Lys	Val	Leu	Pro	Gly	Thr	Leu	Trp	Ala	Asp		
		195					200					205					
agc	atc	tcc	agg	gaa	cca	cag	gac	ttc	gag	ggg	gcc	tgg	gaa	gca	tca		672
Ser	Ile	Ser	Arg	Glu	Pro	Gln	Asp	Phe	Glu	Gly	Ala	Trp	Glu	Ala	Ser		
		210				215					220						
aga	gct	tca	gga	ggg	gag	tct	gtc	aca	gct	gcg	ctc	aga	cac	ttt	gac		720
Arg	Ala	Ser	Gly	Gly	Glu	Ser	Val	Thr	Ala	Ala	Leu	Arg	His	Phe	Asp		
					230					235					240		
tta	aag	cct	cag	gcc	agg	gtt	gct	tct	ctc	att	gac	att	gag	aac	ttg		768
Leu	Lys	Pro	Gln	Ala	Arg	Val	Ala	Ser	Leu	Ile	Asp	Ile	Glu	Asn	Leu		
				245					250					255			
tta	aga	gaa	gac	cag	ctc	ctg	gga	gct	tgc	gga	caa	tcc	tgg	gcc	cag		816
Leu	Arg	Glu	Asp	Gln	Leu	Leu	Gly	Ala	Cys	Gly	Gln	Ser	Trp	Ala	Gln		
			260					265									
aga	agc	agg	cag	atg	cgg	ctg	ttg	gta	gca	cta	ata	tgg	gtt	gtg	aat		864

05.10.04

XPs.ST25.txt

Arg	Ser	Arg	Gln	Met	Arg	Leu	Leu	Val	Ala	Leu	Ile	Trp	Val	Val	Asn	
		275					280					285				
atc	atc	ctg	tgg	tta	tta	ctt	tac	tta	agt	tac	acg	cca	gta	cac	tcg	912
Ile	Ile	Leu	Trp	Leu	Leu	Leu	Tyr	Leu	Ser	Tyr	Thr	Pro	Val	His	Ser	
	290					295					300					
atc	ctg	cac	gtg	tcc	cct	cac	ttc	acg	ctc	atg	ggg	ttt	gca	cga	tgg	960
Ile	Leu	His	Val	Ser	Pro	His	Phe	Thr	Leu	Met	Gly	Phe	Ala	Arg	Trp	
305					310					315					320	
gag	gag	cgc	tcc	cag	cag	ggg	ccg	ttt	ctc	tgt	ggg	atg	gcg	ctg	ctc	1008
Glu	Glu	Arg	Ser	Gln	Gln	Gly	Pro	Phe	Leu	Cys	Gly	Met	Ala	Leu	Leu	
				325					330					335		
tgt	ggg	gag	gac	ccc	acc	tcc	ctc	ctt	cat	gac	gac	ctg	ccc	tta	cct	1056
Cys	Gly	Glu	Asp	Pro	Thr	Ser	Leu	Leu	His	Asp	Asp	Leu	Pro	Leu	Pro	
			340					345					350			
ggc	tcg	tct	ctt	ggc	aga	cgc	tgt	ccc	acg	cat	ctc	tgt	cat	ttg	cat	1104
Gly	Ser	Ser	Leu	Gly	Arg	Arg	Cys	Pro	Thr	His	Leu	Cys	His	Leu	His	
		355					360					365				
acc	acc	gtg	gtg	aca	gtc	ttc	ctg	gcc	acg	gaa	gac	att	aca	tta	aat	1152
Ala	Thr	Val	Val	Thr	Val	Phe	Leu	Ala	Thr	Glu	Asp	Ile	Thr	Leu	Asn	
		370				375					380					
agc	aag	atg	gca	gat	gaa	cat	cag	gaa	gga	aca	tta	gga	aca	tcc	aca	1200
Ser	Lys	Met	Ala	Asp	Glu	His	Gln	Glu	Gly	Thr	Leu	Gly	Thr	Ser	Thr	
385					390				395						400	
gtg	ttc	cat	cca	gga	acc	ttc	acc	gtg	gaa	acc	ctt	gtg	ctc	atg	ggc	1248
Val	Phe	His	Pro	Gly	Thr	Phe	Thr	Val	Glu	Thr	Leu	Val	Leu	Met	Gly	
				405					410					415		
gtg	gtc	tca	aga	cac	agt	cag	ctg	ttg	ggg	atc	aga	ggc	cac	act	cat	1296
Val	Val	Ser	Arg	His	Ser	Gln	Leu	Leu	Gly	Ile	Arg	Gly	His	Thr	His	
			420				425						430			
cgt	agc	aga	gag	gca	gga	cca	act	ggg	aga	ggg	tcc	ttc	tgt	gac	acc	1344
Arg	Ser	Arg	Glu	Ala	Gly	Pro	Thr	Gly	Arg	Gly	Ser	Phe	Cys	Asp	Thr	
		435				440						445				
tac	tgc	atc	acc	ggg	ctg	tgt	gaa	gtg	act	cag	ctg	cca	gaa	ctc	aca	1392
Tyr	Cys	Ile	Thr	Gly	Leu	Cys	Glu	Val	Thr	Gln	Leu	Pro	Glu	Leu	Thr	
	450				455						460					
aaa	tat	cat	tct	aca	cca	aaa	cct	cat	ggg	aaa	aat	gac	acc	aag	act	1440
Gln	Tyr	His	Ser	Thr	Pro	Lys	Pro	His	Gly	Lys	Asn	Asp	Thr	Lys	Thr	
465					470				475						480	
acc	tcc	tcc	ctg	ctc	tcc	agc	tac	acg	acc	ctc	agt	ctt	gaa	cag	cag	1488
Thr	Ser	Ser	Leu	Leu	Ser	Ser	Tyr	Thr	Thr	Leu	Ser	Leu	Glu	Gln	Gln	
				485					490					495		
cag	ctc	ctc	tct	gta	cct	caa	gcc	cca	cga	ccc	tca	gac	ttg	aac	aag	1536
Gln	Leu	Leu	Ser	Val	Pro	Gln	Ala	Pro	Arg	Pro	Ser	Asp	Leu	Asn	Lys	
			500					505					510			
aac	aac	acc	atc	tcc	ccc	cag	ggc	tcc	agc	tcg	ggg	acc	tac	aga	ttt	1584
Asn	Asn	Thr	Ile	Ser	Pro	Gln	Gly	Ser	Ser	Ser	Gly	Thr	Tyr	Arg	Phe	
		515					520					525				
aaa	cag	cag	cac	cgg	ctc	ttc	ctg	tga								1611
Lys	Gln	Gln	His	Arg	Leu	Phe	Leu									
	530					535										

05.10.04

XP.s.ST25.txt

<210> 162
<211> 536
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 162

Met Ile Val Gln Leu Ile Val Ile Ala Gln Asp Lys Asp Gly Leu Lys
1 5 10 15

Phe Leu Arg Leu Ala Trp Arg Cys Arg Arg Ala Leu Glu Ile Thr Gln
20 25 30

Gly Phe His Asn Ser Ser Thr Ile Ala Arg Asp Ser Thr Lys Met Ser
35 40 45

Lys Ser Ala Cys Arg Gly Leu Tyr Asn Leu Ile Pro Lys Ile Thr Glu
50 55 60

His Arg Pro Ala Arg Pro Pro Gly Pro Thr Leu Ser Lys Ile Ser Trp
65 70 75 80

Thr Pro Val His Leu His Gly Leu Glu Gln Val Pro Gly Thr Val Asp
85 90 95

Asp Glu Cys Glu Asn Gly Ile Ile Pro Ala Leu Leu Gln Leu His Asp
100 105 110

Pro Asn Tyr Asn Ser Thr Thr Arg Ser Ser Gly Val Asn Ser Ser Lys
115 120 125

Thr Leu Lys Leu Glu Gln Gln Thr Ser Phe Tyr Pro Gly Thr Ser Asn
130 135 140

Leu Asn Tyr Asn Ser Gly Ser Thr Gln Ser Leu Gln Leu Pro Asp Thr
145 150 155 160

Asn Tyr Asn Ser Ser Thr Ser Ser Ser Leu Ala His Gln Leu Gln Asp
165 170 175

Pro Gln Thr Arg Thr Ala Ala Leu Thr Pro Ala Gln Asp Arg Phe Thr
180 185 190

Gln Val Phe His Pro Lys Lys Val Leu Pro Gly Thr Leu Trp Ala Asp
195 200 205

Ser Ile Ser Arg Glu Pro Gln Asp Phe Glu Gly Ala Trp Glu Ala Ser
210 215 220

Arg Ala Ser Gly Gly Glu Ser Val Thr Ala Ala Leu Arg His Phe Asp
225 230 235 240

Leu Lys Pro Gln Ala Arg Val Ala Ser Leu Ile Asp Ile Glu Asn Leu
seite 244

05.10.04

XPs.ST25.txt
250

245

255

Leu Arg Glu Asp Gln Leu Leu Gly Ala Cys Gly Gln Ser Trp Ala Gln
260 265 270

Arg Ser Arg Gln Met Arg Leu Leu Val Ala Leu Ile Trp Val Val Asn
275 280 285

Ile Ile Leu Trp Leu Leu Leu Tyr Leu Ser Tyr Thr Pro Val His Ser
290 295 300

Ile Leu His Val Ser Pro His Phe Thr Leu Met Gly Phe Ala Arg Trp
305 310 315 320

Glu Glu Arg Ser Gln Gln Gly Pro Phe Leu Cys Gly Met Ala Leu Leu
325 330 335

ys Gly Glu Asp Pro Thr Ser Leu Leu His Asp Asp Leu Pro Leu Pro
340 345 350

Gly Ser Ser Leu Gly Arg Arg Cys Pro Thr His Leu Cys His Leu His
355 360 365

Ala Thr Val Val Thr Val Phe Leu Ala Thr Glu Asp Ile Thr Leu Asn
370 375 380

Ser Lys Met Ala Asp Glu His Gln Glu Gly Thr Leu Gly Thr Ser Thr
385 390 395 400

Val Phe His Pro Gly Thr Phe Thr Val Glu Thr Leu Val Leu Met Gly
405 410 415

Val Val Ser Arg His Ser Gln Leu Leu Gly Ile Arg Gly His Thr His
420 425 430

Arg Ser Arg Glu Ala Gly Pro Thr Gly Arg Gly Ser Phe Cys Asp Thr
435 440 445

Tyr Cys Ile Thr Gly Leu Cys Glu Val Thr Gln Leu Pro Glu Leu Thr
450 455 460

Gln Tyr His Ser Thr Pro Lys Pro His Gly Lys Asn Asp Thr Lys Thr
465 470 475 480

Thr Ser Ser Leu Leu Ser Ser Tyr Thr Thr Leu Ser Leu Glu Gln Gln
485 490 495

Gln Leu Leu Ser Val Pro Gln Ala Pro Arg Pro Ser Asp Leu Asn Lys
500 505 510

Asn Asn Thr Ile Ser Pro Gln Gly Ser Ser Ser Gly Thr Tyr Arg Phe
Seite 245

06.10.04

XPs.ST25.txt

515

520

525

Lys Gln Gln His Arg Leu Phe Leu
530 535

<210> 163
<211> 2115
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(2115)
<223>

<400> 163
atg cgt ata tgt tat gaa tgc caa aat gaa aga aca ttg tgg cga tgt 48
Met Arg Ile Cys Tyr Glu Cys Gln Asn Glu Arg Thr Leu Trp Arg Cys
1 15
gtt tcc cag gat ggg gct gac tac agt gtg ggc gtg tgt gtc cct gat 96
Val Ser Gln Asp Gly Ala Asp Tyr Ser Val Gly Val Cys Val Pro Asp
20 25 30
tct tgt gct gaa gag gat gtg act ctg atg tct cgg ctg gat act tta 144
Ser Cys Ala Glu Glu Asp Val Thr Leu Met Ser Arg Leu Asp Thr Leu
35 40 45
aga ttc aga aat act tca ttt ttg gcc cct tcc ctc ttt ctt ttt aca 192
Arg Phe Arg Asn Thr Ser Phe Leu Ala Pro Ser Leu Phe Leu Phe Thr
50 55 60
ata aat tct tcc tcc ttg tct ggt ggg agt gtg acc aga tgt gct gct 240
Ile Asn Ser Ser Ser Leu Ser Gly Gly Ser Val Thr Arg Cys Ala Ala
65 70 75 80
gga aag atc ccc ctg gac aca ttt gct gcc gta tgt ctg ttc atc acc 288
Gly Lys Ile Pro Leu Asp Thr Phe Ala Ala Val Cys Leu Phe Ile Thr
85 90 95
ttg ctg ggt ctc atc ctc cct ccg gct gga aca gtc tgc gtg gca gct 336
Leu Leu Gly Leu Ile Leu Pro Pro Ala Gly Thr Val Cys Val Ala Ala
100 105 110
gga gaa tgg ggg tca gcc tgc agg aca tcg cgg gaa cac ggg gaa cct 384
Arg Glu Trp Gly Ser Ala Cys Arg Thr Ser Arg Glu His Gly Glu Pro
115 120 125
ctg gcc act tac ggg agt ctg cca ctg agc gag gcg gag agc aat gaa 432
Leu Ala Thr Tyr Gly Ser Leu Pro Leu Ser Glu Ala Glu Ser Asn Glu
130 135 140
caa aga agc aga atc cca cgg aca cac tgc cgg gca cat ctc ctc ctg 480
Gln Arg Ser Arg Ile Pro Arg Thr His Cys Arg Ala His Leu Leu
145 150 155 160
tca gca gcc tcc agc aga gga aaa agg ttt cta gga gcc gtg gct cat 528
Ser Ala Ala Ser Ser Arg Gly Lys Arg Phe Leu Gly Ala Val Ala His
165 170 175
gct ctg gag tgc ttt tct tgg cag aag aat gtg cca gcc atc tgg act 576
Ala Leu Glu Cys Phe Ser Trp Gln Lys Asn Val Pro Ala Ile Trp Thr
180 185 190
aca aag gca cca ggt ggc acc tgc tct gca ctg aat ggc att cgt gtc 624
Thr Lys Ala Pro Gly Gly Thr Cys Ser Ala Leu Asn Gly Ile Arg Val

seite 246

05.10.04

204

XPS.ST25.txt

195	200	205	
ttg agt ctt ctt tgg atc atc tgc gga cac acc agt cag atg act gca Leu Ser Leu Leu Trp Ile Ile Ser Gly His Thr Ser Gln Met Thr Ala 210 215 220			672
tgg ctg tct ttg gga tgg aaa gat gga ggg cac gaa agg cca ctg gtc Trp Leu Ser Leu Gly Trp Lys Asp Gly Gly His Glu Arg Pro Leu Val 225 230 235 240			720
atg tct ggg cca tca gtg gga atc gga gac acc aga gaa gcc acg agt Met Ser Gly Pro Ser Val Gly Ile Gly Asp Thr Arg Glu Ala Thr Ser 245 250 255			768
ggt tgg tta agt gca agt tgc ttt tta aag atg cat cag aat tca gac Gly Trp Leu Ser Ala Ser Ser Phe Leu Lys Met His Gln Asn Ser Asp 260 265 270			816
aaa gga ata acc ccc aaa ggc ata ctc aga tac ttt ctc agt cac ctg Lys Gly Ile Thr Pro Lys Gly Ile Leu Arg Tyr Phe Leu Ser His Leu 275 280 285			864
ta agg ttg cag cct ctt cac ctg tat tca atg tgc ttg ttg gtt gga Al Arg Leu Gln Pro Leu His Leu Tyr Ser Met Cys Leu Leu Val Gly 290 295 300			912
ctg ttc tct ctt gtt ccc tgg gga cct gtc tgg gaa atg ccc aaa ttc Leu Phe Ser Leu Val Pro Trp Gly Pro Val Trp Glu Met Pro Lys Phe 305 310 315 320			960
cac tgg gat aac tgc cgg caa gca tgg tgg acg aat ctg ctg ttg cta His Trp Asp Asn Cys Arg Gln Ala Trp Trp Thr Asn Leu Leu Leu Leu 325 330 335			1008
aat aac ttt gtg tgc gtc aag aat gcg tgc aat ggc tgg acc tgg tac Asn Asn Phe Val Ser Val Lys Asn Ala Cys Asn Gly Trp Thr Trp Tyr 340 345 350			1056
ctt gcc aat gac ttc cag ttc cac ctc acc aca cca gtg att atc ttc Leu Ala Asn Asp Phe Gln Phe His Leu Thr Thr Pro Val Ile Ile Phe 355 360 365			1104
atc cat gta aag agt aca cag atc ctc atc ctc ctt ggg gcc atg ctg Ile His Val Lys Ser Thr Gln Ile Leu Ile Leu Leu Gly Ala Met Leu 370 375 380			1152
tc ttg gca tct ttc aca gcc act gct ctg atc acc ttg gca tat aaa Phe Leu Ala Ser Phe Thr Ala Thr Ala Leu Ile Thr Leu Ala Tyr Lys 385 390 395 400			1200
ctt cct gtc gtg gct cca tca gaa acc agg act tcc cgg gga ggg ctg Leu Pro Val Val Ala Pro Ser Glu Thr Arg Thr Ser Arg Gly Gly Leu 405 410 415			1248
ctg aat gcc agg ctg ttc acc ctg tgc cct ttg gtt cat gga aaa agt Leu Asn Ala Arg Leu Phe Thr Leu Cys Pro Leu Val His Gly Lys Ser 420 425 430			1296
ggg tat gaa act ttt ggt ctg gat ggg aaa gct gat tgc ctt ctt gct Gly Tyr Glu Thr Phe Gly Leu Asp Gly Lys Ala Asp Cys Leu Leu Ala 435 440 445			1344
tcc aaa ctt ctg aac ctt tca acc tgc act gga aat gaa caa gtg tgc Ser Lys Leu Leu Asn Leu Ser Thr Cys Thr Gly Asn Glu Gln Val Cys 450 455 460			1392
cct aaa tgt acc ttt ggg ctt gct gat tat tcc aat gga cat ctc agg Pro Lys Cys Thr Phe Gly Leu Ala Asp Tyr Ser Asn Gly His Leu Arg 465 470 475			1440

05.10.04

XPS.ST25.txt
475

465	470	475	480	
gat ttg gat tcc ctt tgc cat gtc cag atc aaa cat aac att ttg gct				1488
Asp Leu Asp Ser Leu 485	Cys His Val Gln 490	Ile Lys His Asn Ile 495	Leu Ala	
tat ttc ctt gta ttt ttc agt gaa gag gcg att gta ttg tat ttc gtg				1536
Tyr Phe Leu Val 500	Phe Ser Glu 505	Ala Ile Val Leu 510	Tyr Phe Val	
gag tac tac aca aag ccc tac tgc cga ttt ggg cca gtt ctt gtg ggc				1584
Glu Tyr Tyr 515	Thr Lys Pro Tyr 520	Arg Phe Gly Pro 525	Val Leu Val Gly	
ctc ttt ctg agc att tac atg cac caa aac cac cag gaa aac att ctc				1632
Leu Phe 530	Leu Ser Ile Tyr 535	Met His Gln Asn His 540	Glu Asn Ile Leu	
aga acc aag ctg cag ctc tct acc aag ccc tcc acc gga ccc tgt ggg				1680
Arg Thr Lys Leu 545	Gln Leu Ser Thr 550	Lys Pro Ser Thr 555	Gly Pro Cys Gly 560	
cgg cgg ctg tgg gct gag tcc tct ttg cgt gcc acg gag gat atg gag				1728
Arg Arg Leu Trp 565	Ala Glu Ser Ser Leu 570	Ala Thr Glu Asp Met 575	Met Glu	
gta tgg aag cgg ctc cag gct ttg ctg tct ggt tca cac cct gtt cct				1776
Val Trp Lys Arg 580	Gln Ala Leu 585	Ser Gly Ser His Pro 590	Val Pro	
tta aag gtg aca aat cga aca cac agg aga gcc aag cag ata aaa ggc				1824
Leu Lys Val 595	Thr Asn Arg Thr 600	His Arg Arg Ala Lys 605	Gln Ile Lys Gly	
ttc aat gga aaa gaa tct tct cca ggt ctg gtg aac cgt gtg ctt tct				1872
Phe Asn Gly Lys 610	Glu Ser 615	Pro Gly Leu Val 620	Asn Arg Val Leu Ser	
tgg gac atc tgg agt ttc ctg tcc agc atc agt tat gct cgc tac ttg				1920
Trp Asp Ile Trp Ser 630	Phe Leu Ser Ser Ile 635	Tyr Ala Arg Tyr 640	Leu	
gtg cat ccg att ctg atc atc ctt tac aat ggc ctt cag gaa aca ctt				1968
Val His Pro Ile 645	Leu Ile Ile Leu Tyr 650	Asn Gly Leu Gln Glu Thr 655	Leu	
ttt cac cac act gac acc aac atg ttc tat ctt ttc tct gga cac cgt				2016
Ile His His Thr 660	Asp Thr Asn Met Phe 665	Tyr Leu Phe Ser 670	Gly His Arg	
gtg ctg acc ttc gtc act ggg ctg gcc ctg acg ctg ttc att gag aaa				2064
Val Leu Thr 675	Phe Val Thr Gly Leu 680	Ala Leu Thr Leu 685	Phe Ile Glu Lys	
cca tgt cag gaa ctg aag cag cac ctg ctg ggc cat gaa tgt tct ggt				2112
Pro Cys Gln Glu Leu Lys 690	Gln His Leu Leu Gly 695	His 700	Glu Cys Ser Gly	
taa				2115
<210> 164				
<211> 704				
<212> PRT				
<213> Homo sapiens				
<400> 164				

05.10.04

XPs.ST25.txt

Met Arg Ile Cys Tyr Glu Cys Gln Asn Glu Arg Thr Leu Trp Arg Cys
1 5 10 15

Val Ser Gln Asp Gly Ala Asp Tyr Ser Val Gly Val Cys Val Pro Asp
20 25 30

Ser Cys Ala Glu Glu Asp Val Thr Leu Met Ser Arg Leu Asp Thr Leu
35 40 45

Arg Phe Arg Asn Thr Ser Phe Leu Ala Pro Ser Leu Phe Leu Phe Thr
50 55 60

Ile Asn Ser Ser Ser Leu Ser Gly Gly Ser Val Thr Arg Cys Ala Ala
65 70 75 80

Gly Lys Ile Pro Leu Asp Thr Phe Ala Ala Val Cys Leu Phe Ile Thr
85 90 95

Leu Leu Gly Leu Ile Leu Pro Pro Ala Gly Thr Val Cys Val Ala Ala
100 105 110

Arg Glu Trp Gly Ser Ala Cys Arg Thr Ser Arg Glu His Gly Glu Pro
115 120 125

Leu Ala Thr Tyr Gly Ser Leu Pro Leu Ser Glu Ala Glu Ser Asn Glu
130 135 140

Gln Arg Ser Arg Ile Pro Arg Thr His Cys Arg Ala His Leu Leu Leu
145 150 155 160

Ser Ala Ala Ser Ser Arg Gly Lys Arg Phe Leu Gly Ala Val Ala His
165 170 175

Ala Leu Glu Cys Phe Ser Trp Gln Lys Asn Val Pro Ala Ile Trp Thr
180 185 190

Thr Lys Ala Pro Gly Gly Thr Cys Ser Ala Leu Asn Gly Ile Arg Val
195 200 205

Leu Ser Leu Leu Trp Ile Ile Ser Gly His Thr Ser Gln Met Thr Ala
210 215 220

Trp Leu Ser Leu Gly Trp Lys Asp Gly Gly His Glu Arg Pro Leu Val
225 230 235 240

Met Ser Gly Pro Ser Val Gly Ile Gly Asp Thr Arg Glu Ala Thr Ser
245 250 255

Gly Trp Leu Ser Ala Ser Ser Phe Leu Lys Met His Gln Asn Ser Asp
260 265 270

05.10.04

XPs.ST25.txt

Lys Gly Ile Thr Pro Lys Gly Ile Leu Arg Tyr Phe Leu Ser His Leu
275 280 285

Val Arg Leu Gln Pro Leu His Leu Tyr Ser Met Cys Leu Leu Val Gly
290 295 300

Leu Phe Ser Leu Val Pro Trp Gly Pro Val Trp Glu Met Pro Lys Phe
305 310 315 320

His Trp Asp Asn Cys Arg Gln Ala Trp Trp Thr Asn Leu Leu Leu Leu
325 330 335

Asn Asn Phe Val Ser Val Lys Asn Ala Cys Asn Gly Trp Thr Trp Tyr
340 345 350

Leu Ala Asn Asp Phe Gln Phe His Leu Thr Thr Pro Val Ile Ile Phe
355 360 365

Ile His Val Lys Ser Thr Gln Ile Leu Ile Leu Leu Gly Ala Met Leu
370 375 380

Phe Leu Ala Ser Phe Thr Ala Thr Ala Leu Ile Thr Leu Ala Tyr Lys
385 390 395 400

Leu Pro Val Val Ala Pro Ser Glu Thr Arg Thr Ser Arg Gly Gly Leu
405 410 415

Leu Asn Ala Arg Leu Phe Thr Leu Cys Pro Leu Val His Gly Lys Ser
420 425 430

Gly Tyr Glu Thr Phe Gly Leu Asp Gly Lys Ala Asp Cys Leu Leu Ala
435 440 445

Ser Lys Leu Leu Asn Leu Ser Thr Cys Thr Gly Asn Glu Gln Val Cys
450 455 460

Pro Lys Cys Thr Phe Gly Leu Ala Asp Tyr Ser Asn Gly His Leu Arg
465 470 475 480

Asp Leu Asp Ser Leu Cys His Val Gln Ile Lys His Asn Ile Leu Ala
485 490 495

Tyr Phe Leu Val Phe Phe Ser Glu Glu Ala Ile Val Leu Tyr Phe Val
500 505 510

Glu Tyr Tyr Thr Lys Pro Tyr Cys Arg Phe Gly Pro Val Leu Val Gly
515 520 525

Leu Phe Leu Ser Ile Tyr Met His Gln Asn His Gln Glu Asn Ile Leu
530 535 540

08.10.04

XPs.ST25.txt

Arg Thr Lys Leu Gln Leu Ser Thr Lys Pro Ser Thr Gly Pro Cys Gly
545 550 555 560

Arg Arg Leu Trp Ala Glu Ser Ser Leu Arg Ala Thr Glu Asp Met Glu
565 570 575

Val Trp Lys Arg Leu Gln Ala Leu Leu Ser Gly Ser His Pro Val Pro
580 585 590

Leu Lys Val Thr Asn Arg Thr His Arg Arg Ala Lys Gln Ile Lys Gly
595 600 605

Phe Asn Gly Lys Glu Ser Ser Pro Gly Leu Val Asn Arg Val Leu Ser
610 615 620

Trp Asp Ile Trp Ser Phe Leu Ser Ser Ile Ser Tyr Ala Arg Tyr Leu
625 630 635 640

Val His Pro Ile Leu Ile Ile Leu Tyr Asn Gly Leu Gln Glu Thr Leu
645 650 655

Ile His His Thr Asp Thr Asn Met Phe Tyr Leu Phe Ser Gly His Arg
660 665 670

Val Leu Thr Phe Val Thr Gly Leu Ala Leu Thr Leu Phe Ile Glu Lys
675 680 685

Pro Cys Gln Glu Leu Lys Gln His Leu Leu Gly His Glu Cys Ser Gly
690 695 700

<210> 165
<211> 2898
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(2898)
<223>

<400> 165
atg tgg gtg cgg tgt gca ctc ctg gtt gca cgc gac tgt ggc tgt gct 48
Met Trp Val Arg Cys Ala Leu Leu Val Ala Arg Asp Cys Gly Cys Ala
1 5 10 15

gag cgc gtg tgc ccg tct gtg gtg cgt gac cgc gtg tgt gtt gtg ggg 96
Glu Arg Val Cys Pro Ser Val Val Arg Asp Arg Val Cys Val Val Gly
20 25 30

gcg ggg aaa att cat aca aaa gaa aaa aat ata gca cat ctc ttg gaa 144
Ala Gly Lys Ile His Thr Lys Glu Lys Asn Ile Ala His Leu Leu Glu
35 40 45

atg aaa tac ttc aag ttt aat atc tct ctt gct aat gca gaa ttt atc 192
Met Lys Tyr Phe Lys Phe Asn Ile Ser Leu Ala Asn Ala Glu Phe Ile
50 55 60

agc caa gac agc tgg ctg gcc tgg gtg ggg ttt gtt aaa gtt gtc aag 240
seite 251

05.10.04

XPs.ST25.txt

Ser 65	Gln	Asp	Ser	Trp	Leu 70	Ala	Trp	Val	Gly 75	Phe	Val	Lys	Val	Val	Lys 80	
tat Tyr	aag Lys	gcc Ala	tac Tyr	tgt Cys 85	aag Lys	aga Arg	tac Tyr	caa Gln	gtg Val 90	act Thr	ttt Phe	aga Arg	aga Arg	cag Gln 95	tgt Cys	288
gag Glu	ggt Gly	aaa Lys	act Thr 100	gat Asp	tac Tyr	tat Tyr	gct Ala	tgg Trp 105	aaa Lys	cac His	tta Leu	gtg Val 110	gta Val	cag Gln	gat Asp	336
aaa Lys	aat Asn	aag Lys 115	tct Ser	aac Asn	aca Thr	cac His	aaa Lys 120	tac Tyr	aga Arg	atg Met	att Ile 125	att Ile	tgt Cys	gtg Val	ata Ile	384
aat Asn	aca Thr 130	gat Asp	acc Thr	att Ile	tgt Cys	gag Glu 135	atg Met	gct Ala	tat Tyr	gcc Ala	cat His 140	ata Ile	gaa Glu	tgg Trp	gac Asp	432
atg Met 145	ata Ile	gtc Val	tgt Cys	gca Ala	gct Ala 150	tat Tyr	gca Ala	cac His	gaa Glu 155	ctt Leu	cca Pro	aaa Lys	tac Tyr	ggt Gly	gta Val 160	480
ggt Lys	gtt Val	ggc Gly	ctg Leu 165	aca Thr	aat Asn	gat Asp	gct Ala	gca Ala	gca Ala 170	tgt Cys	tgt Cys	act Thr	ggc Gly	ctg Leu 175	ctg Leu	528
ctg Leu	gca Ala	tgc Cys	agg Arg 180	ctt Leu	ctc Leu	agt Ser	agg Arg	ttt Phe 185	ggc Gly	atg Met	gac Asp	aag Lys	atc Ile 190	tat Tyr	aaa Lys	576
ggc Gly	caa Gln	gtg Val 195	gag Glu	gta Val	acc Thr	aga Arg	gat Asp 200	gaa Glu	tac Tyr	aac Asn	gtg Val	gga Gly 205	agc Ser	act Thr	gat Asp	624
ggt Gly	cag Gln 210	cca Pro	ggt Gly	gcc Ala	ttt Phe	acc Thr 215	tgc Cys	tgt Cys	ttg Leu	gat Asp	gca Ala 220	ggc Gly	ctt Leu	gcc Ala	aga Arg	672
acc Thr 225	acc Thr	act Thr	gac Asp	aat Asn	aaa Lys 230	gtt Val	ttt Phe	ggg Gly	gct Ala 235	ctg Leu	aga Arg	gtg Val	ctg Leu	tgg Trp	atg Met 240	720
gag Glu	gtt Val	tct Ser	cta Leu	tcc Ser 245	ctc Leu	aca Thr	gtg Val	cct Pro	aac Asn 250	gat Asp	tcc Ser	ctg Leu	agt Ser	aaa Lys 255	ggg Gly	768
aag Lys	cct Pro	ggc Gly	ccc Pro 260	agg Arg	aag Lys	gag Glu	cag Gln	ctg Leu 265	cct Pro	gca Ala	aga Arg	ggg Gly	agc Ser 270	ctg Leu	agc Ser	816
cgt Arg	gga Gly	gtc Val 275	ctg Leu	gga Gly	gcc Ala	ttt Phe	gag Glu 280	gtg Val	ggc Gly	agc Ser	cag Gln	ggc Gly 285	gtg Val	gag Glu	gca Ala	864
gca Ala 290	gca Ala	agc Ser	cca Pro	aac Asn	ggt Gly	caa Gln 295	tac Tyr	ggg Gly	ccc Pro	agc Ser	tgg Trp 300	ggc Gly	ctg Leu	gcg Ala	gcg Ala	912
gag Glu 305	ggc Gly	acg Thr	gag Glu	gga Gly	gct Ala 310	agg Arg	cca Pro	cag Gln	gca Ala 315	cca Pro	aag Lys	cgg Arg	gat Asp	ttg Leu	tcc Ser 320	960
tat Tyr	agc Ser	agg Arg	act Thr	gac Asp 325	tct Ser	cac His	aga Arg	gac Asp	tgt Cys 330	tct Ser	cct Pro	gtc Val	tgt Cys	cac His 335	aac Asn	1008
atg	tcc	ctg	agg	ggt	cac	ctt	gtc	ccc	aag	aag	ccc	tca	aag	gag	aag	1056

XPs.ST25.txt															
Met	Ser	Leu	Arg	Gly	His	Leu	Val	Pro	Lys	Lys	Pro	Ser	Lys	Glu	Lys
			340					345					350		
cag	gga	cag	cag	aaa	ctg	gac	agc	aag	ttt	tat	gag	agc	tgg	gcc	aca
Gln	Gly	Gln	Gln	Lys	Leu	Asp	Ser	Lys	Phe	Tyr	Glu	Ser	Trp	Ala	Thr
		355					360					365			
gcc	ttg	ctc	aca	gct	ata	ttc	ccg	gtg	ctt	ggc	atc	ttg	gtg	ctt	gtt
Ala	Leu	Leu	Thr	Ala	Ile	Phe	Pro	Val	Leu	Gly	Ile	Leu	Val	Leu	Val
	370					375					380				
gaa	tct	ttg	ctg	atg	aat	gac	cca	atg	cgt	gaa	tgc	atc	ctc	agc	acc
Glu	Ser	Leu	Leu	Met	Asn	Asp	Pro	Met	Arg	Glu	Cys	Ile	Leu	Ser	Thr
385					390					395					400
tct	ggc	ttc	tca	ggg	cct	cgc	gcc	agg	ctc	ctg	ggg	gtc	ctg	gcc	ctg
Ser	Gly	Phe	Ser	Gly	Pro	Arg	Ala	Arg	Leu	Leu	Gly	Val	Leu	Ala	Leu
				405					410					415	
ggc	ggg	ctt	cct	ctc	cat	ctt	ggt	gca	cct	gtt	att	gta	atg	gcg	tgg
Gly	Gly	Leu	Pro	Leu	His	Leu	Gly	Ala	Pro	Val	Ile	Val	Met	Ala	Trp
			420					425					430		
ctt	gtc	ctt	gct	ttg	cta	ttc	aca	cgg	agc	agg	acc	agg	gct	gat	cct
Ile	Val	Leu	Ala	Leu	Leu	Phe	Thr	Arg	Ser	Arg	Thr	Arg	Ala	Asp	Pro
		435					440					445			
gca	gac	gtg	ctg	ccc	cct	ggt	gca	ttt	gag	aag	act	cgc	atg	cat	gca
Ala	Asp	Val	Leu	Pro	Pro	Gly	Ala	Phe	Glu	Lys	Thr	Arg	Met	His	Ala
	450					455					460				
ctg	ccc	ccg	cct	ctt	ggt	ttg	act	tta	gat	gac	ggt	gaa	gtg	atc	acc
Leu	Pro	Pro	Pro	Leu	Gly	Leu	Thr	Leu	Asp	Asp	Gly	Glu	Val	Ile	Thr
465					470					475					480
aca	aga	ttg	ctc	act	gat	gct	tct	gtg	caa	aaa	gtc	gtg	gtc	cgg	ata
Thr	Arg	Leu	Leu	Thr	Asp	Ala	Ser	Val	Gln	Lys	Val	Val	Val	Arg	Ile
				485					490					495	
tct	gaa	tcc	tcc	tcc	tgc	ctc	cac	aat	ggg	ctg	cta	tcc	ggt	aac	ggc
Ser	Glu	Ser	Ser	Ser	Cys	Leu	His	Asn	Gly	Leu	Leu	Ser	Gly	Asn	Gly
			500					505					510		
tgt	gag	gtc	cat	tac	cgc	agg	gcg	agg	ctc	ttc	cag	gac	gct	cag	atg
Cys	Glu	Val	His	Tyr	Arg	Arg	Ala	Arg	Leu	Phe	Gln	Asp	Ala	Gln	Met
		515					520					525			
cct	gct	cag	agc	cca	gct	tat	cgg	ggg	gat	ctg	cga	gct	cct	gtc	aac
Pro	Ala	Gln	Ser	Pro	Ala	Tyr	Arg	Gly	Asp	Leu	Arg	Ala	Pro	Val	Asn
	530					535					540				
gcc	ctg	aga	att	cag	aac	cgg	agt	cag	ctc	agc	cca	ggt	gga	aag	atc
Ala	Leu	Arg	Ile	Gln	Asn	Arg	Ser	Gln	Leu	Ser	Pro	Gly	Gly	Lys	Ile
545					550					555					560
aag	tgg	cgg	cag	cac	agg	cag	ctg	gaa	ggt	acc	cac	aga	aag	aaa	tcg
Lys	Trp	Arg	Gln	His	Arg	Gln	Leu	Glu	Gly	Thr	His	Arg	Lys	Lys	Ser
				565					570					575	
agc	act	atg	ttc	aga	aag	atc	cac	tcc	atc	ttt	aac	tcc	agc	cca	cag
Ser	Thr	Met	Phe	Arg	Lys	Ile	His	Ser	Ile	Phe	Asn	Ser	Ser	Pro	Gln
			580					585					590		
aga	aag	acg	gcg	gcc	gag	agc	ccc	ttc	tac	gaa	gga	gcc	agc	ccc	gca
Arg	Lys	Thr	Ala	Ala	Glu	Ser	Pro	Phe	Tyr	Glu	Gly	Ala	Ser	Pro	Ala
		595					600					605			
gtg	aag	ctg	att	cga	agc	agt	tcc	atg	tat	gtg	gtc	ggg	gac	cac	ggg

05.10.04

XPS.ST25.txt

Val	Lys	Leu	Ile	Arg	Ser	Ser	Ser	Met	Tyr	Val	Val	Gly	Asp	His	Gly	
610						615					620					
gag	aaa	ttc	agc	gag	tcc	tta	aag	aag	tac	aaa	agc	acc	agt	agc	atg	1920
Glu	Lys	Phe	Ser	Glu	Ser	Leu	Lys	Lys	Tyr	Lys	Ser	Thr	Ser	Ser	Met	
625					630					635					640	
gac	acc	agc	ctg	tac	tac	ctg	cgg	cag	gag	gag	gac	cgg	gcg	tgg	atg	1968
Asp	Thr	Ser	Leu	Tyr	Tyr	Leu	Arg	Gln	Glu	Glu	Asp	Arg	Ala	Trp	Met	
				645					650					655		
tat	tcg	cgc	acc	cag	gac	tgc	ctg	cag	tac	ctg	cag	gag	ctg	ctg	gcc	2016
Tyr	Ser	Arg	Thr	Gln	Asp	Cys	Leu	Gln	Tyr	Leu	Gln	Glu	Leu	Leu	Ala	
			660					665					670			
ttg	cgc	aaa	aaa	tat	ctc	agc	agc	ttc	agt	gat	ctg	aag	ccc	cac	cgc	2064
Leu	Arg	Lys	Lys	Tyr	Leu	Ser	Ser	Phe	Ser	Asp	Leu	Lys	Pro	His	Arg	
		675					680					685				
acc	cag	ggg	att	tcc	tca	acc	tcc	tcc	aaa	tcc	tcc	aag	gga	ggg	aaa	2112
Thr	Gln	Gly	Ile	Ser	Ser	Thr	Ser	Ser	Lys	Ser	Ser	Lys	Gly	Gly	Lys	
		690				695					700					
gag	act	cct	gtc	cgg	tct	act	ccc	aaa	gaa	ata	aag	aaa	gca	acc	cca	2160
Lys	Thr	Pro	Val	Arg	Ser	Thr	Pro	Lys	Glu	Ile	Lys	Lys	Ala	Thr	Pro	
705					710				715						720	
aag	aaa	tac	tcg	cag	ttc	agt	gct	gat	gtg	gcc	gag	gcc	att	gcc	ttc	2208
Lys	Lys	Tyr	Ser	Gln	Phe	Ser	Ala	Asp	Val	Ala	Glu	Ala	Ile	Ala	Phe	
				725					730					735		
ttt	gac	tcc	atc	att	gca	gag	ctg	gat	aca	gag	aga	cga	ccc	cgg	gct	2256
Phe	Asp	Ser	Ile	Ile	Ala	Glu	Leu	Asp	Thr	Glu	Arg	Arg	Pro	Arg	Ala	
			740					745					750			
gct	gag	gcc	agc	ctg	cca	aat	gaa	gat	gtg	gac	ttt	gac	gtg	gcc	acc	2304
Ala	Glu	Ala	Ser	Leu	Pro	Asn	Glu	Asp	Val	Asp	Phe	Asp	Val	Ala	Thr	
		755					760					765				
agc	tcc	agg	gag	cac	agc	ttg	cat	tct	aac	tgg	atc	ctg	cgg	gca	ccg	2352
Ser	Ser	Arg	Glu	His	Ser	Leu	His	Ser	Asn	Trp	Ile	Leu	Arg	Ala	Pro	
		770				775					780					
cgc	aga	cac	tcc	gag	gat	atc	gct	gcc	cac	act	gtg	cat	act	gta	gac	2400
Arg	Arg	His	Ser	Glu	Asp	Ile	Ala	Ala	His	Thr	Val	His	Thr	Val	Asp	
785					790					795					800	
ggc	cag	ttt	cga	agg	agc	acc	gag	cac	agg	acc	gtg	ggc	act	cag	agg	2448
Gly	Gln	Phe	Arg	Arg	Ser	Thr	Glu	His	Arg	Thr	Val	Gly	Thr	Gln	Arg	
				805					810					815		
aga	ctc	gag	agg	cac	ccc	att	tat	ttg	ccc	aag	gct	gtg	gaa	ggg	gcc	2496
Arg	Leu	Glu	Arg	His	Pro	Ile	Tyr	Leu	Pro	Lys	Ala	Val	Glu	Gly	Ala	
			820					825					830			
ttc	aac	acc	tgg	aaa	ttt	aag	ccc	aaa	gcc	tgc	aaa	aaa	gac	ctg	ggg	2544
Phe	Asn	Thr	Trp	Lys	Phe	Lys	Pro	Lys	Ala	Cys	Lys	Lys	Asp	Leu	Gly	
		835					840					845				
agc	tcc	aga	cag	atc	ctt	ttc	aac	ttc	tca	gga	gaa	gat	atg	gag	tgg	2592
Ser	Ser	Arg	Gln	Ile	Leu	Phe	Asn	Phe	Ser	Gly	Glu	Asp	Met	Glu	Trp	
		850				855					860					
gat	gca	gag	ctc	ttt	gcg	ttg	gag	ccc	cag	ttg	tct	cct	ggg	gag	gac	2640
Asp	Ala	Glu	Leu	Phe	Ala	Leu	Glu	Pro	Gln	Leu	Ser	Pro	Gly	Glu	Asp	
					870					875					880	
tac	tat	gag	aca	gag	aac	ccc	aaa	gga	cag	tgg	ctg	ctt	cga	gaa	aga	2688

05.10.04

XPs.ST25.txt

Tyr	Tyr	Glu	Thr	Glu	Asn	Pro	Lys	Gly	Gln	Trp	Leu	Leu	Arg	Glu	Arg		
				885					890					895			
ctt	tgg	gag	cgg	acg	act	ggg	tcc	ctg	aga	agc	tgt	ccg	ctt	tca	gcg	2736	
Leu	Trp	Glu	Arg	Thr	Thr	Gly	Ser	Leu	Arg	Ser	Cys	Pro	Leu	Ser	Ala		
			900					905					910				
cag	cat	gag	gta	ttt	ggg	aga	gtt	gaa	aat	gcc	aat	tgt	aac	aca	gtc	2784	
Gln	His	Glu	Val	Phe	Gly	Arg	Val	Glu	Asn	Ala	Asn	Cys	Asn	Thr	Val		
		915					920					925					
aac	cca	ctc	agc	aca	ctg	cct	gct	ggc	gtg	cca	gtg	cca	aac	aga		2832	
Asn	Pro	Leu	Ser	Thr	Leu	Pro	Ala	Gly	Ala	Val	Pro	Val	Pro	Asn	Arg		
	930					935				940							
cct	gtg	gct	tcc	cag	ggg	aca	ggg	ctc	agg	aca	ctc	tca	gag	ctt	gag	2880	
Pro	Val	Ala	Ser	Gln	Gly	Thr	Gly	Leu	Arg	Thr	Leu	Ser	Glu	Leu	Glu		
	945				950					955					960		
ttt	ctc	tgc	gtg	ggc	tga											2898	
Phe	Leu	Cys	Val	Gly													
				965													

<210> 166
 <211> 965
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 166

Met Trp Val Arg Cys Ala Leu Leu Val Ala Arg Asp Cys Gly Cys Ala
 1 5 10 15

Glu Arg Val Cys Pro Ser Val Val Arg Asp Arg Val Cys Val Val Gly
 20 25 30

Ala Gly Lys Ile His Thr Lys Glu Lys Asn Ile Ala His Leu Leu Glu
 35 40 45

Met Lys Tyr Phe Lys Phe Asn Ile Ser Leu Ala Asn Ala Glu Phe Ile
 50 55 60

Ser Gln Asp Ser Trp Leu Ala Trp Val Gly Phe Val Lys Val Val Lys
 65 70 75 80

Tyr Lys Ala Tyr Cys Lys Arg Tyr Gln Val Thr Phe Arg Arg Gln Cys
 85 90 95

Glu Gly Lys Thr Asp Tyr Tyr Ala Trp Lys His Leu Val Val Gln Asp
 100 105 110

Lys Asn Lys Ser Asn Thr His Lys Tyr Arg Met Ile Ile Cys Val Ile
 115 120 125

Asn Thr Asp Thr Ile Cys Glu Met Ala Tyr Ala His Ile Glu Trp Asp
 130 135 140

Met Ile Val Cys Ala Ala Tyr Ala His Glu Leu Pro Lys Tyr Gly Val
 Seite 255

05.10.04

XP5.ST25.txt
155

145

150

160

Lys Val Gly Leu Thr Asn Asp Ala Ala Ala Cys Cys Thr Gly Leu Leu
165 170 175

Leu Ala Cys Arg Leu Leu Ser Arg Phe Gly Met Asp Lys Ile Tyr Lys
180 185 190

Gly Gln Val Glu Val Thr Arg Asp Glu Tyr Asn Val Gly Ser Thr Asp
195 200 205

Gly Gln Pro Gly Ala Phe Thr Cys Cys Leu Asp Ala Gly Leu Ala Arg
210 215 220

Thr Thr Thr Asp Asn Lys Val Phe Gly Ala Leu Arg Val Leu Trp Met
225 230 235 240

Leu Val Ser Leu Ser Leu Thr Val Pro Asn Asp Ser Leu Ser Lys Gly
245 250 255

Lys Pro Gly Pro Arg Lys Glu Gln Leu Pro Ala Arg Gly Ser Leu Ser
260 265 270

Arg Gly Val Leu Gly Ala Phe Glu Val Gly Ser Gln Gly Val Glu Ala
275 280 285

Ala Ala Ser Pro Asn Gly Gln Tyr Gly Pro Ser Trp Gly Leu Ala Ala
290 295 300

Glu Gly Thr Glu Gly Ala Arg Pro Gln Ala Pro Lys Arg Asp Leu Ser
305 310 315 320

Tyr Ser Arg Thr Asp Ser His Arg Asp Cys Ser Pro Val Cys His Asn
325 330 335

Met Ser Leu Arg Gly His Leu Val Pro Lys Lys Pro Ser Lys Glu Lys
340 345 350

Gln Gly Gln Gln Lys Leu Asp Ser Lys Phe Tyr Glu Ser Trp Ala Thr
355 360 365

Ala Leu Leu Thr Ala Ile Phe Pro Val Leu Gly Ile Leu Val Leu Val
370 375 380

Glu Ser Leu Leu Met Asn Asp Pro Met Arg Glu Cys Ile Leu Ser Thr
385 390 395 400

Ser Gly Phe Ser Gly Pro Arg Ala Arg Leu Leu Gly Val Leu Ala Leu
405 410 415

Gly Gly Leu Pro Leu His Leu Gly Ala Pro Val Ile Val Met Ala Trp
Seite 256

05.10.04

XPs.ST25.txt
425

420

430

Ile Val Leu Ala Leu Leu Phe Thr Arg Ser Arg Thr Arg Ala Asp Pro
435 440 445

Ala Asp Val Leu Pro Pro Gly Ala Phe Glu Lys Thr Arg Met His Ala
450 455 460

Leu Pro Pro Pro Leu Gly Leu Thr Leu Asp Asp Gly Glu Val Ile Thr
465 470 475 480

Thr Arg Leu Leu Thr Asp Ala Ser Val Gln Lys Val Val Val Arg Ile
485 490 495

Ser Glu Ser Ser Ser Cys Leu His Asn Gly Leu Leu Ser Gly Asn Gly
500 505 510

Lys Glu Val His Tyr Arg Arg Ala Arg Leu Phe Gln Asp Ala Gln Met
515 520 525

Pro Ala Gln Ser Pro Ala Tyr Arg Gly Asp Leu Arg Ala Pro Val Asn
530 535 540

Ala Leu Arg Ile Gln Asn Arg Ser Gln Leu Ser Pro Gly Gly Lys Ile
545 550 555 560

Lys Trp Arg Gln His Arg Gln Leu Glu Gly Thr His Arg Lys Lys Ser
565 570 575

Ser Thr Met Phe Arg Lys Ile His Ser Ile Phe Asn Ser Ser Pro Gln
580 585 590

Arg Lys Thr Ala Ala Glu Ser Pro Phe Tyr Glu Gly Ala Ser Pro Ala
595 600 605

Val Lys Leu Ile Arg Ser Ser Ser Met Tyr Val Val Gly Asp His Gly
610 615 620

Glu Lys Phe Ser Glu Ser Leu Lys Lys Tyr Lys Ser Thr Ser Ser Met
625 630 635 640

Asp Thr Ser Leu Tyr Tyr Leu Arg Gln Glu Glu Asp Arg Ala Trp Met
645 650 655

Tyr Ser Arg Thr Gln Asp Cys Leu Gln Tyr Leu Gln Glu Leu Leu Ala
660 665 670

Leu Arg Lys Lys Tyr Leu Ser Ser Phe Ser Asp Leu Lys Pro His Arg
675 680 685

Thr Gln Gly Ile Ser Ser Thr Ser Ser Lys Ser Ser Lys Gly Gly Lys
Seite 257

05.10.04

690

695

XPs.ST25.txt
700

Lys Thr Pro Val Arg Ser Thr Pro Lys Glu Ile Lys Lys Ala Thr Pro
705 710 715 720

Lys Lys Tyr Ser Gln Phe Ser Ala Asp Val Ala Glu Ala Ile Ala Phe
725 730 735

Phe Asp Ser Ile Ile Ala Glu Leu Asp Thr Glu Arg Arg Pro Arg Ala
740 745 750

Ala Glu Ala Ser Leu Pro Asn Glu Asp Val Asp Phe Asp Val Ala Thr
755 760 765

Ser Ser Arg Glu His Ser Leu His Ser Asn Trp Ile Leu Arg Ala Pro
770 775 780

Arg Arg His Ser Glu Asp Ile Ala Ala His Thr Val His Thr Val Asp
785 790 795 800

Gly Gln Phe Arg Arg Ser Thr Glu His Arg Thr Val Gly Thr Gln Arg
805 810 815

Arg Leu Glu Arg His Pro Ile Tyr Leu Pro Lys Ala Val Glu Gly Ala
820 825 830

Phe Asn Thr Trp Lys Phe Lys Pro Lys Ala Cys Lys Lys Asp Leu Gly
835 840 845

Ser Ser Arg Gln Ile Leu Phe Asn Phe Ser Gly Glu Asp Met Glu Trp
850 855 860

Asp Ala Glu Leu Phe Ala Leu Glu Pro Gln Leu Ser Pro Gly Glu Asp
865 870 875 880

Tyr Tyr Glu Thr Glu Asn Pro Lys Gly Gln Trp Leu Leu Arg Glu Arg
885 890 895

Leu Trp Glu Arg Thr Thr Gly Ser Leu Arg Ser Cys Pro Leu Ser Ala
900 905 910

Gln His Glu Val Phe Gly Arg Val Glu Asn Ala Asn Cys Asn Thr Val
915 920 925

Asn Pro Leu Ser Thr Leu Pro Ala Gly Ala Val Pro Val Pro Asn Arg
930 935 940

Pro Val Ala Ser Gln Gly Thr Gly Leu Arg Thr Leu Ser Glu Leu Glu
945 950 955 960

Phe Leu Cys Val Gly

05.10.04

XPS.ST25.txt

965

<210> 167
<211> 1080
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1080)
<223>

<400> 167
atg tcc aaa tcc cag ttg tcc agc ctc tct gtc aat ggc tcc tac ctt 48
Met Ser Lys Ser Gln Leu Ser Ser Leu Ser Val Asn Gly Ser Tyr Leu
1 5 10 15
gaa ctc acc aaa ttc agg cat cca ttc act cat tca tca aat gcc aag 96
Glu Leu Thr Lys Phe Arg His Pro Phe Thr His Ser Ser Asn Ala Lys
20 25 30
cac ctg cct ctg cag cag ttg tac acc atg acc gaa cag gtg att gga 144
His Leu Pro Leu Gln Gln Leu Tyr Thr Met Thr Glu Gln Val Ile Gly
35 40 45
gcc aac agt gta cct ggc att att gcc cca gat aat gtt cac gtc atc 192
Ala Asn Ser Val Pro Gly Ile Ile Ala Pro Asp Asn Val His Val Ile
50 55 60
cag ccc agc aac cct gtg gcc tct gga aat cat ctg cag cct tca gag 240
Gln Pro Ser Asn Pro Val Ala Ser Gly Asn His Leu Gln Pro Ser Glu
65 70 75
gcc atc cag atc ctc atc ggc ctg acg cac att ttc tct gca att aac 288
Ala Ile Gln Ile Leu Ile Gly Leu Thr His Ile Phe Ser Ala Ile Asn
85 90 95
cct gtg ctg tat tac tat cct ttt gtg acc tgg ttg tca ggg tac ccg 336
Pro Val Leu Tyr Tyr Tyr Pro Phe Val Thr Trp Leu Ser Gly Tyr Pro
100 105 110
ctc tgg gga gga tta tcc tat att gta tct gga tcc ctc tca gta tgg 384
Leu Trp Gly Gly Leu Ser Tyr Ile Val Ser Gly Ser Leu Ser Val Trp
115 120 125
ctc gca aag gac ccc agt cct tgt gtg gaa gag cag agt cct cca gac 432
Leu Ala Lys Asp Pro Ser Pro Cys Val Glu Glu Gln Ser Pro Pro Asp
130 135 140
acc cca gca tca acc aag ctc aca cca cct gtt cat atc cca aca gga 480
Thr Pro Ala Ser Thr Lys Leu Thr Pro Pro Val His Ile Pro Thr Gly
145 150 155 160
ctg gga agt tcc ata tcc cct ggg aag tca aat gct ctc cct aag gtg 528
Leu Gly Ser Ser Ile Ser Pro Gly Lys Ser Asn Ala Leu Pro Lys Val
165 170 175
aac agc agc atc agc ttc aac atc atc agc gca ctc ttc gcc ttt gcc 576
Asn Ser Ser Ile Ser Phe Asn Ile Ile Ser Ala Leu Phe Ala Phe Ala
180 185 190
ggg atc ttc att atc att aca gat ctg agc ctt tac tat gtg acg aca 624
Gly Ile Phe Ile Ile Ile Thr Asp Leu Ser Leu Tyr Tyr Val Thr Thr
195 200 205
tat tca aag gcg gtt tct ggc ggt ctt ctc ccc ttt gcc ctc ctg gag 672
Tyr Ser Lys Ala Val Ser Gly Gly Leu Leu Pro Phe Ala Leu Leu Glu
210 215 220 225 230 235 240 245

06.10.04

210

215

XPs.ST25.txt
220

ttc atc ctc act tgt gtg gtc tca cat ttt ggg tgc cag gct acc tgc 720
Phe Ile Leu Thr Cys Val Val Ser His Phe Gly Cys Gln Ala Thr Cys
225 230 235 240

tgc aga caa ttt gag aat gtg gca gtg att cca acc gta ttc agt ttc 768
Cys Arg Gln Phe Glu Asn Val Ala Val Ile Pro Thr Val Phe Ser Phe
245 250 255

aac cca gcc aat acc acc acc agc cct gtc aat gct acc act ggt cct 816
Asn Pro Ala Asn Thr Thr Thr Ser Pro Val Asn Ala Thr Thr Gly Pro
260 265 270

gtc aat gct gcc act ggc cct gtc agt gcc acc aat ggt cct gtc aat 864
Val Asn Ala Ala Thr Gly Pro Val Ser Ala Thr Asn Gly Pro Val Asn
275 280 285

act acc att cac cct gtc aac acc acc acc agc cct gtc aac acc acc 912
Thr Thr Ile His Pro Val Asn Thr Thr Thr Ser Pro Val Asn Thr Thr
290 295 300

acc agc cct gtc aat gtt acc act ggt cct gtc aat gct aac att ggc 960
Thr Ser Pro Val Asn Val Thr Thr Gly Pro Val Asn Ala Asn Ile Gly
305 310 315 320

cct gtc aat gtg aca act ggc ccc gtt aac act acc act gcc cct gcc 1008
Pro Val Asn Val Thr Thr Gly Pro Val Asn Thr Thr Thr Ala Pro Ala
325 330 335

aaa gct acc acc agt tgt gtc aat gct atc cac acc agc aat gta ccc 1056
Lys Ala Thr Thr Ser Cys Val Asn Ala Ile His Thr Ser Asn Val Pro
340 345 350

ccg aac cct cgt acc aag aaa tag 1080
Pro Asn Pro Arg Thr Lys Lys
355

<210> 168
<211> 359
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 168

at Ser Lys Ser Gln Leu Ser Ser Leu Ser Val Asn Gly Ser Tyr Leu
5 10 15

Glu Leu Thr Lys Phe Arg His Pro Phe Thr His Ser Ser Asn Ala Lys
20 25 30

His Leu Pro Leu Gln Gln Leu Tyr Thr Met Thr Glu Gln Val Ile Gly
35 40 45

Ala Asn Ser Val Pro Gly Ile Ile Ala Pro Asp Asn Val His Val Ile
50 55 60

Gln Pro Ser Asn Pro Val Ala Ser Gly Asn His Leu Gln Pro Ser Glu
65 70 75 80

Ala Ile Gln Ile Leu Ile Gly Leu Thr His Ile Phe Ser Ala Ile Asn
85 90 95

05.10.04

XP5.ST25.txt

Pro Val Leu Tyr Tyr Tyr Pro Phe Val Thr Trp Leu Ser Gly Tyr Pro
100 105 110

Leu Trp Gly Gly Leu Ser Tyr Ile Val Ser Gly Ser Leu Ser Val Trp
115 120 125

Ala Ala Lys Asp Pro Ser Pro Cys Val Glu Glu Gln Ser Pro Pro Asp
130 135 140

Thr Pro Ala Ser Thr Lys Leu Thr Pro Pro Val His Ile Pro Thr Gly
145 150 155 160

Leu Gly Ser Ser Ile Ser Pro Gly Lys Ser Asn Ala Leu Pro Lys Val
165 170 175

Asn Ser Ser Ile Ser Phe Asn Ile Ile Ser Ala Leu Phe Ala Phe Ala
180 185 190

Gly Ile Phe Ile Ile Ile Thr Asp Leu Ser Leu Tyr Tyr Val Thr Thr
195 200 205

Tyr Ser Lys Ala Val Ser Gly Gly Leu Leu Pro Phe Ala Leu Leu Glu
210 215 220

Phe Ile Leu Thr Cys Val Val Ser His Phe Gly Cys Gln Ala Thr Cys
225 230 235 240

Cys Arg Gln Phe Glu Asn Val Ala Val Ile Pro Thr Val Phe Ser Phe
245 250 255

Asn Pro Ala Asn Thr Thr Thr Ser Pro Val Asn Ala Thr Thr Gly Pro
260 265 270

Asn Ala Ala Thr Gly Pro Val Ser Ala Thr Asn Gly Pro Val Asn
275 280 285

Thr Thr Ile His Pro Val Asn Thr Thr Thr Ser Pro Val Asn Thr Thr
290 295 300

Thr Ser Pro Val Asn Val Thr Thr Gly Pro Val Asn Ala Asn Ile Gly
305 310 315 320

Pro Val Asn Val Thr Thr Gly Pro Val Asn Thr Thr Thr Ala Pro Ala
325 330 335

Lys Ala Thr Thr Ser Cys Val Asn Ala Ile His Thr Ser Asn Val Pro
340 345 350

Pro Asn Pro Arg Thr Lys Lys
355

08.10.04

XPs.ST25.txt

<210> 169
<211> 951
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(951)
<223>

<400> 169

atg aga ctt atg aaa gag gtt cga ggc aga aat caa aca gaa gta aca	48
Met Arg Leu Met Lys Glu Val Arg Gly Arg Asn Gln Thr Glu Val Thr	
1 5 10 15	
gaa ttt ctc ctc tta gga ctt tcc gac aat cca gat cta caa gga gtc	96
Glu Phe Leu Leu Leu Gly Leu Ser Asp Asn Pro Asp Leu Gln Gly Val	
20 25 30	
ctc ttt gca ttg ttt ctg ttg atc tat atg gca aac atg gtg ggc aat	144
Leu Phe Ala Leu Phe Leu Leu Ile Tyr Met Ala Asn Met Val Gly Asn	
35 40 45	
ttg ggg atg att gta ttg att aag att gat ctc tgt ctc cac acc ccc	192
Leu Gly Met Ile Val Leu Ile Lys Ile Asp Leu Cys Leu His Thr Pro	
50 55 60	
atg tat ttc ttt ctc agt agc ctc tct ttt gta gat gcc tct tac tct	240
Met Tyr Phe Phe Leu Ser Ser Leu Ser Phe Val Asp Ala Ser Tyr Ser	
65 70 75 80	
tct tcc gtc act ccc aag atg ctg gtg aac ctc atg gct gag aat aag	288
Ser Ser Val Thr Pro Lys Met Leu Val Asn Leu Met Ala Glu Asn Lys	
85 90 95	
gcc att tct ttt cat gga tgt gct gcc cag ttc tac ttc ttt ggc tcc	336
Ala Ile Ser Phe His Gly Cys Ala Ala Gln Phe Tyr Phe Phe Gly Ser	
100 105 110	
ttc ctg ggg act gag tgc ttc ctg ttg gcc atg atg gca tat gac cgc	384
Phe Leu Gly Thr Glu Cys Phe Leu Leu Ala Met Met Ala Tyr Asp Arg	
115 120 125	
tat gca gcc att tgg aac ccc ctg ctc tac cca gtt ctc gtg tct ggg	432
Tyr Ala Ala Ile Trp Asn Pro Leu Leu Tyr Pro Val Leu Val Ser Gly	
130 135 140	
aga att tgc ttt ttg cta ata gct acc tcc ttc tta gca ggt tgt gga	480
Arg Ile Cys Phe Leu Leu Ile Ala Thr Ser Phe Leu Ala Gly Cys Gly	
145 150 155 160	
aat gca gcc ata cat aca ggg atg act ttt agg ttg tcc ttt tgt ggt	528
Asn Ala Ala Ile His Thr Gly Met Thr Phe Arg Leu Ser Phe Cys Gly	
165 170 175	
tct aat agg atc aac cat ttc tac tgt gac acc ccg cca ctg ctc aaa	576
Ser Asn Arg Ile Asn His Phe Tyr Cys Asp Thr Pro Pro Leu Leu Lys	
180 185 190	
ctc tct tgc tct gat acc cac ttc aat ggc att gtg atc atg gca ttc	624
Leu Ser Cys Ser Asp Thr His Phe Asn Gly Ile Val Ile Met Ala Phe	
195 200 205	
tca agt ttt att gtc atc agc tgt gtt atg att gtc ctc att tcc tac	672
Ser Ser Phe Ile Val Ile Ser Cys Val Met Ile Val Leu Ile Ser Tyr	
210 215 220	

06.10.04

XPs.ST25.txt

ctg tgt atc ttc att gcc gtc ttg aag atg cct tcg tta gag ggc agg Leu Cys Ile Phe Ile Ala Val Leu Lys Met Pro Ser Leu Glu Gly Arg 225 230 235 240	720
cac aaa gcc ttc tcc acc tgt gcc tct tac ctc atg gct gtc acc ata His Lys Ala Phe Ser Thr Cys Ala Ser Tyr Leu Met Ala Val Thr Ile 245 250 255	768
ttc ttt gga aca atc ctc ttc atg tac ttg cgc cct aca tct agc tac Phe Phe Gly Thr Ile Leu Phe Met Tyr Leu Arg Pro Thr Ser Ser Tyr 260 265 270	816
tca atg gag caa gac aag gtt gtc tct gtc ttt tat aca gta ata atc Ser Met Glu Gln Asp Lys Val Val Ser Val Phe Tyr Thr Val Ile Ile 275 280 285	864
cct gtg cta aat ccc ctc atc tat agt tta aaa aat aag gat gta aaa Pro Val Leu Asn Pro Leu Ile Tyr Ser Leu Lys Asn Lys Asp Val Lys 290 295 300	912
aag gcc cta aag aag atc tta tgg aaa cac atc ttg tag Lys Ala Leu Lys Lys Ile Leu Trp Lys His Ile Leu 305 310 315	951

<210> 170
<211> 316
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 170

Met Arg Leu Met Lys Glu Val Arg Gly Arg Asn Gln Thr Glu Val Thr
1 5 10 15

Glu Phe Leu Leu Leu Gly Leu Ser Asp Asn Pro Asp Leu Gln Gly Val
20 25 30

Leu Phe Ala Leu Phe Leu Leu Ile Tyr Met Ala Asn Met Val Gly Asn
35 40 45

Leu Gly Met Ile Val Leu Ile Lys Ile Asp Leu Cys Leu His Thr Pro
50 55 60

Met Tyr Phe Phe Leu Ser Ser Leu Ser Phe Val Asp Ala Ser Tyr Ser
65 70 75 80

Ser Ser Val Thr Pro Lys Met Leu Val Asn Leu Met Ala Glu Asn Lys
85 90 95

Ala Ile Ser Phe His Gly Cys Ala Ala Gln Phe Tyr Phe Phe Gly Ser
100 105 110

Phe Leu Gly Thr Glu Cys Phe Leu Leu Ala Met Met Ala Tyr Asp Arg
115 120 125

Tyr Ala Ala Ile Trp Asn Pro Leu Leu Tyr Pro Val Leu Val Ser Gly
130 135 140

05.10.04

XPs.ST25.txt

Arg Ile Cys Phe Leu Leu Ile Ala Thr Ser Phe Leu Ala Gly Cys Gly
145 150 155 160

Asn Ala Ala Ile His Thr Gly Met Thr Phe Arg Leu Ser Phe Cys Gly
165 170 175

Ser Asn Arg Ile Asn His Phe Tyr Cys Asp Thr Pro Pro Leu Leu Lys
180 185 190

Leu Ser Cys Ser Asp Thr His Phe Asn Gly Ile Val Ile Met Ala Phe
195 200 205

Ser Ser Phe Ile Val Ile Ser Cys Val Met Ile Val Leu Ile Ser Tyr
210 215 220

Leu Cys Ile Phe Ile Ala Val Leu Lys Met Pro Ser Leu Glu Gly Arg
225 230 235 240

His Lys Ala Phe Ser Thr Cys Ala Ser Tyr Leu Met Ala Val Thr Ile
245 250 255

Phe Phe Gly Thr Ile Leu Phe Met Tyr Leu Arg Pro Thr Ser Ser Tyr
260 265 270

Ser Met Glu Gln Asp Lys Val Val Ser Val Phe Tyr Thr Val Ile Ile
275 280 285

Pro Val Leu Asn Pro Leu Ile Tyr Ser Leu Lys Asn Lys Asp Val Lys
290 295 300

Lys Ala Leu Lys Lys Ile Leu Trp Lys His Ile Leu
305 310 315

<210> 171
<211> 1320
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1320)
<223>

<400> 171
atg aga gaa gct cta gcc agg gaa gcc caa gtc ttc ctg tca tgg gtc 48
Met Arg Glu Ala Leu Ala Arg Glu Ala Gln Val Phe Leu Ser Trp Val
1 5 10 15

gct tat ggg atc ctg aaa cca aat gtt tgg gtt aac gat agc cca gtc 96
Ala Tyr Gly Ile Leu Lys Pro Asn Val Trp Val Asn Asp Ser Pro Val
20 25 30

att tct ttt aag gga tgt gct tca cag ctc ttc ttc tat cag ttg ctg 144
Ile Ser Phe Lys Gly Cys Ala Ser Gln Leu Phe Phe Tyr Gln Leu Leu
35 40 45

05.10.04

XPs.ST25.txt

ggt tct gct gaa ggc tgc ctc tat tct gtg atg tct tat gat cgc ttt Gly Ser Ala Glu Gly Cys Leu Tyr Ser Val Met Ser Tyr Asp Arg Phe 50 55 60	192
gtt gcc ata cat cac aca ctg aga tat atg ctc atc atg aag cct gga Val Ala Ile His His Thr Leu Arg Tyr Met Leu Ile Met Lys Pro Gly 65 70 75 80	240
gtc tgt gtc ggc ttg gtc gtg ttg tcc tac tgt ggc ccc aat cag gtg Val Cys Val Gly Leu Val Val Leu Ser Tyr Cys Gly Pro Asn Gln Val 85 90 95	288
gac tac ttc ttc tgt gac att cct gct gtt tta ccc ctg gct tgt act Asp Tyr Phe Phe Cys Asp Ile Pro Ala Val Leu Pro Leu Ala Cys Thr 100 105 110	336
gac agt gcc ctg gcc cag agg gtg ggt tcc ata aat gtt ggc ttt ctg Asp Ser Ala Leu Ala Gln Arg Val Gly Ser Ile Asn Val Gly Phe Leu 115 120 125	384
gct tta aca ctt ttg atc agt gtc tgt gtc tgc tac act agc att ggg Ala Leu Thr Leu Leu Ile Ser Val Cys Val Cys Tyr Thr Ser Ile Gly 130 135 140	432
t gcc atc ttg aga atc cgc tca tca gag ggc agg cag aaa gcc ttc Ile Ala Ile Leu Arg Ile Arg Ser Ser Glu Gly Arg Gln Lys Ala Phe 145 150 155 160	480
tcc acc tgc agt gct cac ctt gtt gca atc ctc tgt gcc tat gga cct Ser Thr Cys Ser Ala His Leu Val Ala Ile Leu Cys Ala Tyr Gly Pro 165 170 175	528
gta atc atc atc tat ctg aag tcc aca ccc aac ccc ttg ctt ggt gcc Val Ile Ile Ile Tyr Leu Lys Ser Thr Pro Asn Pro Leu Leu Gly Ala 180 185 190	576
aga tgc gtg aaa gct cat ctg aga gaa aac tca ttt gta ata aaa tat Arg Cys Val Lys Ala His Leu Arg Glu Asn Ser Phe Val Ile Lys Tyr 195 200 205	624
tcg aat ccc aca gag tgg ggc tgt act gag tgt ttc ctc tac aca gtg Ser Asn Pro Thr Glu Trp Gly Cys Thr Glu Cys Phe Leu Tyr Thr Val 210 215 220	672
atg gcc tgt gac cgc ttt gtt gcc ata tgt ttt cct ttg aga tac acg Met Ala Cys Asp Arg Phe Val Ala Ile Cys Phe Pro Leu Arg Tyr Thr 225 230 235 240	720
gtc atc atg aac cac agg gtg tgc ttt atg ttg gcc acg ggg acc tgg Val Ile Met Asn His Arg Val Cys Phe Met Leu Ala Thr Gly Thr Trp 245 250 255	768
atg att ggc tgt gtc cat gcc atg atc cta act ccc ctc acc ttc cag Met Ile Gly Cys Val His Ala Met Ile Leu Thr Pro Leu Thr Phe Gln 260 265 270	816
tta cct tac tgt ggc cct aac aag gtg ggc tat tac ttc tgt gat att Leu Pro Tyr Cys Gly Pro Asn Lys Val Gly Tyr Tyr Phe Cys Asp Ile 275 280 285	864
cct gca gtg tta cct cta gcc tac agt gtg cat gga gct ttc tca acc Pro Ala Val Leu Pro Leu Ala Tyr Ser Val His Gly Ala Phe Ser Thr 290 295 300	912
tgc ctt gct cac ctc ttt gct ttc tca acc tgc att gct caa cct gca Cys Leu Ala His Leu Phe Ala Phe Ser Thr Cys Ile Ala Gln Pro Ala 305 310 315 320	960

05.10.04

XPs.ST25.txt

gtc tgc aac tct ttg tgg cca tgg aca gaa gct cag acc gag agc tct	1008
Val Cys Asn Ser Leu Trp Pro Trp Thr Glu Ala Gln Thr Glu Ser Ser	
325 330 335	
ctg cga ttc tgt gat tca gag acc gaa ctt tgt ctt aaa ccc cat cag	1056
Leu Arg Phe Cys Asp Ser Glu Thr Glu Leu Cys Leu Lys Pro His Gln	
340 345 350	
cgc cgt att gga ttg gga gtg tcc tgt gag ttc gtt tat cag gct gtg	1104
Arg Arg Ile Gly Leu Gly Val Ser Cys Glu Phe Val Tyr Gln Ala Val	
355 360 365	
ata acc tca gag ctc cac tgg tgg cag ctc acc cgc att ctc tcc tcg	1152
Ile Thr Ser Glu Leu His Trp Trp Gln Leu Thr Arg Ile Leu Ser Ser	
370 375 380	
gta gcc tct cca ggg gtg cca ggt gtt gaa acg atc aga gag cca gac	1200
Val Ala Ser Pro Gly Val Pro Gly Val Glu Thr Ile Arg Glu Pro Asp	
385 390 395 400	
aga gct cag cag cac caa gga cac aca gta ctg aag gga cac ctt cca	1248
Arg Ala Gln Gln His Gln Gly His Thr Val Leu Lys Gly His Leu Pro	
405 410 415	
agg agg acc caa tca gaa gac tca gta gag ttt ctc agt gga act aga	1296
Gly Arg Thr Gln Ser Glu Asp Ser Val Glu Phe Leu Ser Gly Thr Arg	
420 425 430	
ttg cat cta cct agg gaa ggg taa	1320
Leu His Leu Pro Arg Glu Gly	
435	

<210> 172
 <211> 439
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 172

Met Arg Glu Ala Leu Ala Arg Glu Ala Gln Val Phe Leu Ser Trp Val
 1 5 10 15

Ala Tyr Gly Ile Leu Lys Pro Asn Val Trp Val Asn Asp Ser Pro Val
 20 25 30

Ile Ser Phe Lys Gly Cys Ala Ser Gln Leu Phe Phe Tyr Gln Leu Leu
 35 40 45

Gly Ser Ala Glu Gly Cys Leu Tyr Ser Val Met Ser Tyr Asp Arg Phe
 50 55 60

Val Ala Ile His His Thr Leu Arg Tyr Met Leu Ile Met Lys Pro Gly
 65 70 75 80

Val Cys Val Gly Leu Val Val Leu Ser Tyr Cys Gly Pro Asn Gln Val
 85 90 95

Asp Tyr Phe Phe Cys Asp Ile Pro Ala Val Leu Pro Leu Ala Cys Thr
 100 105 110

08.10.04

XPs.ST25.txt

Asp Ser Ala Leu Ala Gln Arg Val Gly Ser Ile Asn Val Gly Phe Leu
115 120 125

Ala Leu Thr Leu Leu Ile Ser Val Cys Val Cys Tyr Thr Ser Ile Gly
130 135 140

Ile Ala Ile Leu Arg Ile Arg Ser Ser Glu Gly Arg Gln Lys Ala Phe
145 150 155 160

Ser Thr Cys Ser Ala His Leu Val Ala Ile Leu Cys Ala Tyr Gly Pro
165 170 175

Val Ile Ile Ile Tyr Leu Lys Ser Thr Pro Asn Pro Leu Leu Gly Ala
180 185 190

Arg Cys Val Lys Ala His Leu Arg Glu Asn Ser Phe Val Ile Lys Tyr
195 200 205

Ser Asn Pro Thr Glu Trp Gly Cys Thr Glu Cys Phe Leu Tyr Thr Val
210 215 220

Met Ala Cys Asp Arg Phe Val Ala Ile Cys Phe Pro Leu Arg Tyr Thr
225 230 235 240

Val Ile Met Asn His Arg Val Cys Phe Met Leu Ala Thr Gly Thr Trp
245 250 255

Met Ile Gly Cys Val His Ala Met Ile Leu Thr Pro Leu Thr Phe Gln
260 265 270

Leu Pro Tyr Cys Gly Pro Asn Lys Val Gly Tyr Tyr Phe Cys Asp Ile
275 280 285

Pro Ala Val Leu Pro Leu Ala Tyr Ser Val His Gly Ala Phe Ser Thr
290 295 300

Cys Leu Ala His Leu Phe Ala Phe Ser Thr Cys Ile Ala Gln Pro Ala
305 310 315 320

Val Cys Asn Ser Leu Trp Pro Trp Thr Glu Ala Gln Thr Glu Ser Ser
325 330 335

Leu Arg Phe Cys Asp Ser Glu Thr Glu Leu Cys Leu Lys Pro His Gln
340 345 350

Arg Arg Ile Gly Leu Gly Val Ser Cys Glu Phe Val Tyr Gln Ala Val
355 360 365

Ile Thr Ser Glu Leu His Trp Trp Gln Leu Thr Arg Ile Leu Ser Ser
370 375 380

08.10.04

XPs.ST25.txt

Val Ala Ser Pro Gly Val Pro Gly Val Glu Thr Ile Arg Glu Pro Asp
385 390 395 400

Arg Ala Gln Gln His Gln Gly His Thr Val Leu Lys Gly His Leu Pro
405 410 415

Gly Arg Thr Gln Ser Glu Asp Ser Val Glu Phe Leu Ser Gly Thr Arg
420 425 430

Leu His Leu Pro Arg Glu Gly
435

<210> 173
<211> 1363
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (11)..(1363)
<223>

<400> 173
aacaggcccc atg ctg ctc tgg acg gct gtg ctg ctc ttt ggt aag tca 49
Met Leu Leu Trp Thr Ala Val Leu Leu Phe Gly Lys Ser
1 5 10

acg agc atg ggc atc ccc tct tgg agc act aag gac ctt ccc tgt gtt 97
Thr Ser Met Gly Ile Pro Ser Trp Ser Thr Lys Asp Leu Pro Cys Val
15 20 25

ggg aaa act gtc tgg ctg tac ctc caa gcc tgg cca aac cct gtg ttt 145
Gly Lys Thr Val Trp Leu Tyr Leu Gln Ala Trp Pro Asn Pro Val Phe
30 35 40 45

gaa gga gat gcc ctg act ctg cga tgt cag gga tgg aag aat aca cca 193
Glu Gly Asp Ala Leu Thr Leu Arg Cys Gln Gly Trp Lys Asn Thr Pro
50 55 60

ctg tct cag gtg aag ttc tac aga gat gga aaa ttc ctt cat ttc tct 241
Leu Ser Gln Val Lys Phe Tyr Arg Asp Gly Lys Phe Leu His Phe Ser
65 70 75

gaa gaa aac cag act ctg tcc atg gga gca gca aca gtg cag agc cgt 289
Lys Glu Asn Gln Thr Leu Ser Met Gly Ala Ala Thr Val Gln Ser Arg
80 85 90

ggc cag tac agc tgc tct ggg cag gtg atg tat att cca cag aca ttc 337
Gly Gln Tyr Ser Cys Ser Gly Gln Val Met Tyr Ile Pro Gln Thr Phe
95 100 105

aca caa act tca gag act gcc atg gtt caa gtc caa gag ctg ttt cca 385
Thr Gln Thr Ser Glu Thr Ala Met Val Gln Val Gln Glu Leu Phe Pro
110 115 120 125

cct cct gtg ctg agt gcc atc ccc tct cct gag ccc cga gag ggt agc 433
Pro Pro Val Leu Ser Ala Ile Pro Ser Pro Glu Pro Arg Glu Gly Ser
130 135 140

ctg gtg acc ctg aga tgt cag aca aag ctg cac ccc ctg agg tca gcc 481
Leu Val Thr Leu Arg Cys Gln Thr Lys Leu His Pro Leu Arg Ser Ala
145 150 155

ttg agg ctc ctt ttc tcc ttc cac aag gac ggc cac acc ttg cag gac 529
Seite 268

05.10.04

XPS.ST25.txt

Leu	Arg	Leu	Leu	Phe	Ser	Phe	His	Lys	Asp	Gly	His	Thr	Leu	Gln	Asp	
160							165					170				
agg	ggc	cct	cac	cca	gaa	ctc	tgc	atc	ccg	gga	gcc	aag	gag	gga	gac	577
Arg	Gly	Pro	His	Pro	Glu	Leu	Cys	Ile	Pro	Gly	Ala	Lys	Glu	Gly	Asp	
175						180					185					
tct	ggg	ctt	tac	tgg	tgt	gag	gtg	gcc	cct	gag	ggt	ggc	cag	gtc	cag	625
Ser	Gly	Leu	Tyr	Trp	Cys	Glu	Val	Ala	Pro	Glu	Gly	Gly	Gln	Val	Gln	
190					195					200					205	
aag	cag	agc	ccc	cag	ctg	gag	gtc	aga	gtg	cag	gct	cct	gta	tcc	cgt	673
Lys	Gln	Ser	Pro	Gln	Leu	Glu	Val	Arg	Val	Gln	Ala	Pro	Val	Ser	Arg	
				210					215					220		
cct	gtg	ctc	act	ctg	cac	cac	ggg	cct	gct	gac	cct	gct	gtg	ggg	gac	721
Pro	Val	Leu	Thr	Leu	His	His	Gly	Pro	Ala	Asp	Pro	Ala	Val	Gly	Asp	
			225					230					235			
atg	gtg	cag	ctc	ctc	tgt	gag	gca	cag	agg	ggc	tcc	cct	ccg	atc	ctg	769
Met	Val	Gln	Leu	Leu	Cys	Glu	Ala	Gln	Arg	Gly	Ser	Pro	Pro	Ile	Leu	
		240					245					250				
tat	tcc	ttc	tac	ctt	gat	gag	aag	att	gtg	ggg	aac	cac	tca	gct	ccc	817
Tyr	Ser	Phe	Tyr	Leu	Asp	Glu	Lys	Ile	Val	Gly	Asn	His	Ser	Ala	Pro	
	255					260					265					
tgt	ggt	gga	acc	acc	tcc	ctc	ctc	ttc	cca	gtg	aag	tca	gaa	cag	gat	865
Cys	Gly	Gly	Thr	Thr	Ser	Leu	Leu	Phe	Pro	Val	Lys	Ser	Glu	Gln	Asp	
270					275					280					285	
gct	ggg	aac	tac	tcc	tgc	gag	gct	gag	aac	agt	gtc	tcc	aga	gag	agg	913
Ala	Gly	Asn	Tyr	Ser	Cys	Glu	Ala	Glu	Asn	Ser	Val	Ser	Arg	Glu	Arg	
				290					295					300		
agt	gag	ccc	aag	aag	ctg	tct	ctg	aag	ggt	tct	caa	gtc	ttg	ttc	act	961
Ser	Glu	Pro	Lys	Lys	Leu	Ser	Leu	Lys	Gly	Ser	Gln	Val	Leu	Phe	Thr	
			305					310					315			
ccc	gcc	agc	aac	tgg	ctg	gtt	cct	tgg	ctt	cct	gcg	agc	ctg	ctt	ggc	1009
Pro	Ala	Ser	Asn	Trp	Leu	Val	Pro	Trp	Leu	Pro	Ala	Ser	Leu	Leu	Gly	
		320					325					330				
ctg	atg	gtt	att	gct	gct	gca	ctt	ctg	gtt	tat	gtg	aga	tcc	tgg	aga	1057
Leu	Met	Val	Ile	Ala	Ala	Ala	Leu	Leu	Val	Tyr	Val	Arg	Ser	Trp	Arg	
	335					340					345					
a	gct	ggg	ccc	ctt	cca	tcc	cag	ata	cca	ccc	aca	gct	cca	ggt	gga	1105
Lys	Ala	Gly	Pro	Leu	Pro	Ser	Gln	Ile	Pro	Pro	Thr	Ala	Pro	Gly	Gly	
350					355					360					365	
gag	cag	tgc	cca	cta	tat	gcc	aac	gtg	cat	cac	cag	aaa	ggg	aaa	gat	1153
Glu	Gln	Cys	Pro	Leu	Tyr	Ala	Asn	Val	His	His	Gln	Lys	Gly	Lys	Asp	
				370					375					380		
gaa	ggt	gtt	gtc	tac	tct	gtg	gtg	cat	aga	acc	tca	aag	agg	agt	gaa	1201
Glu	Gly	Val	Val	Tyr	Ser	Val	Val	His	Arg	Thr	Ser	Lys	Arg	Ser	Glu	
			385					390					395			
gcc	agg	tct	gct	gag	ttc	acc	gtg	ggg	aga	aag	cac	aaa	gct	tca	ccc	1249
Ala	Arg	Ser	Ala	Glu	Phe	Thr	Val	Gly	Arg	Lys	His	Lys	Ala	Ser	Pro	
		400					405					410				
aaa	ttc	cac	ccc	acc	ctg	gat	ctc	cac	acc	aag	cgg	ctc	agg	gtt	aat	1297
Lys	Phe	His	Pro	Thr	Leu	Asp	Leu	His	Thr	Lys	Arg	Leu	Arg	Val	Asn	
	415					420					425					
ggg	cga	gtt	cag	gaa	gct	tat	gtg	gcc	ttg	gtc	aac	acc	tgc	tcc	ctc	1345

05.10.04

XPs.ST25.txt

Gly Arg Val Gln Glu Ala Tyr Val Ala Leu Val Asn Thr Cys Ser Leu
430 435 440 445

acc ccc agc ctg aag tga
Thr Pro Ser Leu Lys
450

1363

<210> 174
<211> 450
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 174

Met Leu Leu Trp Thr Ala Val Leu Leu Phe Gly Lys Ser Thr Ser Met
1 5 10 15

Gly Ile Pro Ser Trp Ser Thr Lys Asp Leu Pro Cys Val Gly Lys Thr
20 25 30

Val Trp Leu Tyr Leu Gln Ala Trp Pro Asn Pro Val Phe Glu Gly Asp
35 40 45

Ala Leu Thr Leu Arg Cys Gln Gly Trp Lys Asn Thr Pro Leu Ser Gln
50 55 60

Val Lys Phe Tyr Arg Asp Gly Lys Phe Leu His Phe Ser Lys Glu Asn
65 70 75 80

Gln Thr Leu Ser Met Gly Ala Ala Thr Val Gln Ser Arg Gly Gln Tyr
85 90 95

Ser Cys Ser Gly Gln Val Met Tyr Ile Pro Gln Thr Phe Thr Gln Thr
100 105 110

Ser Glu Thr Ala Met Val Gln Val Gln Glu Leu Phe Pro Pro Pro Val
115 120 125

Leu Ser Ala Ile Pro Ser Pro Glu Pro Arg Glu Gly Ser Leu Val Thr
130 135 140

Leu Arg Cys Gln Thr Lys Leu His Pro Leu Arg Ser Ala Leu Arg Leu
145 150 155 160

Leu Phe Ser Phe His Lys Asp Gly His Thr Leu Gln Asp Arg Gly Pro
165 170 175

His Pro Glu Leu Cys Ile Pro Gly Ala Lys Glu Gly Asp Ser Gly Leu
180 185 190

Tyr Trp Cys Glu Val Ala Pro Glu Gly Gly Gln Val Gln Lys Gln Ser
195 200 205

Pro Gln Leu Glu Val Arg Val Gln Ala Pro Val Ser Arg Pro Val Leu
Seite 270

05.10.04

210

215

XPs.ST25.txt
220

Thr Leu His His Gly Pro Ala Asp Pro Ala Val Gly Asp Met Val Gln
225 230 235 240

Leu Leu Cys Glu Ala Gln Arg Gly Ser Pro Pro Ile Leu Tyr Ser Phe
245 250 255

Tyr Leu Asp Glu Lys Ile Val Gly Asn His Ser Ala Pro Cys Gly Gly
260 265 270

Thr Thr Ser Leu Leu Phe Pro Val Lys Ser Glu Gln Asp Ala Gly Asn
275 280 285

Tyr Ser Cys Glu Ala Glu Asn Ser Val Ser Arg Glu Arg Ser Glu Pro
290 295 300

Lys Lys Leu Ser Leu Lys Gly Ser Gln Val Leu Phe Thr Pro Ala Ser
305 310 315 320

Asn Trp Leu Val Pro Trp Leu Pro Ala Ser Leu Leu Gly Leu Met Val
325 330 335

Ile Ala Ala Ala Leu Leu Val Tyr Val Arg Ser Trp Arg Lys Ala Gly
340 345 350

Pro Leu Pro Ser Gln Ile Pro Pro Thr Ala Pro Gly Gly Glu Gln Cys
355 360 365

Pro Leu Tyr Ala Asn Val His His Gln Lys Gly Lys Asp Glu Gly Val
370 375 380

Val Tyr Ser Val Val His Arg Thr Ser Lys Arg Ser Glu Ala Arg Ser
385 390 395 400

a Glu Phe Thr Val Gly Arg Lys His Lys Ala Ser Pro Lys Phe His
405 410 415

Pro Thr Leu Asp Leu His Thr Lys Arg Leu Arg Val Asn Gly Arg Val
420 425 430

Gln Glu Ala Tyr Val Ala Leu Val Asn Thr Cys Ser Leu Thr Pro Ser
435 440 445

Leu Lys
450

<210> 175
<211> 831
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(831)

<223>

<400> 175

atg cga aga aag aac ctc aca gag gta aca gag ttt gtt ttc ctg gga 48
Met Arg Arg Lys Asn Leu Thr Glu Val Thr Glu Phe Val Phe Leu Gly
1 5 10 15

ttc tcc aga ttc cac aaa cat cac atc act ctc ttt gtg gtt ttt ctc 96
Phe Ser Arg Phe His Lys His His Ile Thr Leu Phe Val Val Phe Leu
20 25 30

atc ctg tac aca tta act gtg gct ggc aat gcc atc atc atg acc atc 144
Ile Leu Tyr Thr Leu Thr Val Ala Gly Asn Ala Ile Ile Met Thr Ile
35 40 45

atc tgc att gac cgt cac ctc cac act ccc atg tac ttc ttc ctg agc 192
Ile Cys Ile Asp Arg His Leu His Thr Pro Met Tyr Phe Phe Leu Ser
50 55 60

atg ctg gct agc tca aag aca gtg tac aca ctg ttc atc att cca cag 240
Met Leu Ala Ser Ser Lys Thr Val Tyr Thr Leu Phe Ile Ile Pro Gln
65 70 75 80

atg ctc tcc agc ttc gta acc cag acc cag cca atc tcc cta gca ggt 288
Met Leu Ser Ser Phe Val Thr Gln Thr Gln Pro Ile Ser Leu Ala Gly
85 90 95

tgt acc acc caa acg ttc ttc ttt gtt acc ttg gcc atc aac aat tgc 336
Cys Thr Thr Gln Thr Phe Phe Phe Val Thr Leu Ala Ile Asn Asn Cys
100 105 110

ttc ttg ctc aca gtg atg ggc tat gac cac tat atg gcc atc tgc aat 384
Phe Leu Leu Thr Val Met Gly Tyr Asp His Tyr Met Ala Ile Cys Asn
115 120 125

ccc ttg aga tac agg gtc att acg agc aag aag gtg tgt gtc cag ctg 432
Pro Leu Arg Tyr Arg Val Ile Thr Ser Lys Lys Val Cys Val Gln Leu
130 135 140

gtg tgt gga gcc ttt agc att ggc ctg gcc atg gca gct gtc cag gta 480
Val Cys Gly Ala Phe Ser Ile Gly Leu Ala Met Ala Ala Val Gln Val
145 150 155 160

aca tcc ata ttt acc tta cct ttt tgt cac acg gtg gtt ggt cat ttc 528
Thr Ser Ile Phe Thr Leu Pro Phe Cys His Thr Val Val Gly His Phe
165 170 175

ttc tgt gac atc ctc cct gtc atg aaa ctc tcc tgt att aat acc act 576
Phe Cys Asp Ile Leu Pro Val Met Lys Leu Ser Cys Ile Asn Thr Thr
180 185 190

atc aat gag ata atc aat ttt gtt gtc agg tta ttt gtc atc ctg gtc 624
Ile Asn Glu Ile Ile Asn Phe Val Val Arg Leu Phe Val Ile Leu Val
195 200 205

ccc atg ggt ctg gtc ttc atc tcc tat gtc ctc atc atc tcc act gtc 672
Pro Met Gly Leu Val Phe Ile Ser Tyr Val Leu Ile Ile Ser Thr Val
210 215 220

ctc aag att gcc tca gct gag ggt tgg aag aag acc ttt gcc acc tgt 720
Leu Lys Ile Ala Ser Ala Glu Gly Trp Lys Lys Thr Phe Ala Thr Cys
225 230 235 240

gcc ttc cac ctc act gtg gtc att gtc cat tat ggc tgt gct tcc att 768
Ala Phe His Leu Thr Val Val Ile Val His Tyr Gly Cys Ala Ser Ile
245 250 255 260 265

08.10.04

XP_S.ST25.txt

245

250

255

gcc tac ctc atg ccc aag tca gaa aac tct ata gaa caa gac ctc ctt 816
Ala Tyr Leu Met Pro Lys Ser Glu Asn Ser Ile Glu Gln Asp Leu Leu
260 265 270

ctc tca gtg acc taa 831
Leu Ser Val Thr
275

<210> 176
<211> 276
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 176

Met Arg Arg Lys Asn Leu Thr Glu Val Thr Glu Phe Val Phe Leu Gly
1 5 10 15

Phe Ser Arg Phe His Lys His His Ile Thr Leu Phe Val Val Phe Leu
20 25 30

Ile Leu Tyr Thr Leu Thr Val Ala Gly Asn Ala Ile Ile Met Thr Ile
35 40 45

Ile Cys Ile Asp Arg His Leu His Thr Pro Met Tyr Phe Phe Leu Ser
50 55 60

Met Leu Ala Ser Ser Lys Thr Val Tyr Thr Leu Phe Ile Ile Pro Gln
65 70 75 80

Met Leu Ser Ser Phe Val Thr Gln Thr Gln Pro Ile Ser Leu Ala Gly
85 90 95

Cys Thr Thr Gln Thr Phe Phe Phe Val Thr Leu Ala Ile Asn Asn Cys
100 105 110

Phe Leu Leu Thr Val Met Gly Tyr Asp His Tyr Met Ala Ile Cys Asn
115 120 125

Pro Leu Arg Tyr Arg Val Ile Thr Ser Lys Lys Val Cys Val Gln Leu
130 135 140

Val Cys Gly Ala Phe Ser Ile Gly Leu Ala Met Ala Ala Val Gln Val
145 150 155 160

Thr Ser Ile Phe Thr Leu Pro Phe Cys His Thr Val Val Gly His Phe
165 170 175

Phe Cys Asp Ile Leu Pro Val Met Lys Leu Ser Cys Ile Asn Thr Thr
180 185 190

Ile Asn Glu Ile Ile Asn Phe Val Val Arg Leu Phe Val Ile Leu Val
195 200 205

05.10.04

XPs.ST25.txt

Pro Met Gly Leu Val Phe Ile Ser Tyr Val Leu Ile Ile Ser Thr Val
210 215 220

Leu Lys Ile Ala Ser Ala Glu Gly Trp Lys Lys Thr Phe Ala Thr Cys
225 230 235 240

Ala Phe His Leu Thr Val Val Ile Val His Tyr Gly Cys Ala Ser Ile
245 250 255

Ala Tyr Leu Met Pro Lys Ser Glu Asn Ser Ile Glu Gln Asp Leu Leu
260 265 270

Leu Ser Val Thr
275

<210> 177
<211> 1224
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1224)
<223>

<400> 177
atg gct gtc ccc tgg cta gtg cta ctc ttg gca ttg ccc atc ttt ttc 48
Met Ala Val Pro Trp Leu Val Leu Leu Leu Ala Leu Pro Ile Phe Phe
1 5 10 15

ctg ggg gtc ttt gtc tgg gct gtc ttt gag cac ttc ctc acc acg gat 96
Leu Gly Val Phe Val Trp Ala Val Phe Glu His Phe Leu Thr Thr Asp
20 25 30

atc cct gct acc ttg cag cat cct gcc aag ttg aga ttc ctg cat tgc 144
Ile Pro Ala Thr Leu Gln His Pro Ala Lys Leu Arg Phe Leu His Cys
35 40 45

ata ttc ctc tac ctg gtc act ttg ggg aat ata ttt gag aag ctg gga 192
Ile Phe Leu Tyr Leu Val Thr Leu Gly Asn Ile Phe Glu Lys Leu Gly
50 55 60

att tgc tcc atg ccc aaa ttt att cgt ttt tta cat gat agc gtg aga 240
Ile Cys Ser Met Pro Lys Phe Ile Arg Phe Leu His Asp Ser Val Arg
65 70 75 80

att aaa aag gac cct gaa ctt gtg gtg acc gac ctg cgt ttt ggg acg 288
Ile Lys Lys Asp Pro Glu Leu Val Val Thr Asp Leu Arg Phe Gly Thr
85 90 95

ata ccc gtg agg ctg ttc cag ccg aag gca gca tcc tcc aga ccc cgg 336
Ile Pro Val Arg Leu Phe Gln Pro Lys Ala Ala Ser Ser Arg Pro Arg
100 105 110

cga ggc atc atc ttc tac cat gga ggg gcc aca gta ttt ggg agc ctg 384
Arg Gly Ile Ile Phe Tyr His Gly Gly Ala Thr Val Phe Gly Ser Leu
115 120 125

gat tgt tac cat ggc ctg tgc aat tat ctg gcc cgg gag act gaa tct 432
Asp Cys Tyr His Gly Leu Cys Asn Tyr Leu Ala Arg Glu Thr Glu Ser
130 135 140

05.10.04

XPs.ST25.txt

gta ctt ctg atg att ggg tac cgc aag ctt cct gac cac cat tcc cct Val Leu Leu Met Ile Gly Tyr Arg Lys Leu Pro Asp His His Ser Pro 145 150 155 160	480
gcc ctt ttc caa gac tgc atg aat gcc tcc att cac ttc ctg aag gcc Ala Leu Phe Gln Asp Cys Met Asn Ala Ser Ile His Phe Leu Lys Ala 165 170 175	528
ctg gaa acc tat ggg gtg gac ccc tcc agg gtt gtg gtc tgt gga gaa Leu Glu Thr Tyr Gly Val Asp Pro Ser Arg Val Val Val Cys Gly Glu 180 185 190	576
agc gtc gga ggt gca gcg gtg gcc gcc atc acc cag gcc ttg gtg ggc Ser Val Gly Gly Ala Ala Val Ala Ala Ile Thr Gln Ala Leu Val Gly 195 200 205	624
aga tca gat ctt ccc cgg atc cgg gct cag gtt ctg att tat cca gtt Arg Ser Asp Leu Pro Arg Ile Arg Ala Gln Val Leu Ile Tyr Pro Val 210 215 220	672
gtc cag gca ttc tgt ttg cag ttg cca tcc ttt cag cag aac caa aat Val Gln Ala Phe Cys Leu Gln Leu Pro Ser Phe Gln Gln Asn Gln Asn 225 230 235 240	720
gtc cca tta ctt tcc cgg aag ttc atg gtg act tct ctg tgt aac tat Val Pro Leu Leu Ser Arg Lys Phe Met Val Thr Ser Leu Cys Asn Tyr 245 250 255	768
ctg gcc att gac ctc tcc tgg cgt gac gcc atc ttg aac ggc act tgt Leu Ala Ile Asp Leu Ser Trp Arg Asp Ala Ile Leu Asn Gly Thr Cys 260 265 270	816
gta ccc cca gac gtc tgg agg aag tac gag aag tgg ctc agc cct gac Val Pro Pro Asp Val Trp Arg Lys Tyr Glu Lys Trp Leu Ser Pro Asp 275 280 285	864
aac atc ccc aag aaa ttt aag aac aga ggc tac caa ccc tgg tct ccc Asn Ile Pro Lys Lys Phe Lys Asn Arg Gly Tyr Gln Pro Trp Ser Pro 290 295 300	912
ggc cct ttt aat gaa gct gcc tat cta gaa gcc aaa cat atg ctg gat Gly Pro Phe Asn Glu Ala Ala Tyr Leu Glu Ala Lys His Met Leu Asp 305 310 315 320	960
gta gaa aat tca ccc ctg ata gca gat gat gag gtc atc gct cag ctt Val Glu Asn Ser Pro Leu Ile Ala Asp Asp Glu Val Ile Ala Gln Leu 325 330 335	1008
cct gag gcc ttc ctg gtg agc tgt gag aat gac ata ctc cgt gat gac Pro Glu Ala Phe Leu Val Ser Cys Glu Asn Asp Ile Leu Arg Asp Asp 340 345 350	1056
agc ttg ctc tat aag aag cgc ttg gag gac cag ggg gtc cgc gtg aca Ser Leu Leu Tyr Lys Lys Arg Leu Glu Asp Gln Gly Val Arg Val Thr 355 360 365	1104
tgg tac cac ctg tat gat ggt ttt cac gga tcc att atc ttt ttt gat Trp Tyr His Leu Tyr Asp Gly Phe His Gly Ser Ile Ile Phe Phe Asp 370 375 380	1152
aag aag gct ctc tct ttc cca tgt tcc ctg aag att gtg aat gct gta Lys Lys Ala Leu Ser Phe Pro Cys Ser Leu Lys Ile Val Asn Ala Val 385 390 395 400	1200
gtc agt tat ata aag ggc ata tga Val Ser Tyr Ile Lys Gly Ile 405	1224

08.10.04

XPs.ST25.txt

<210> 178
<211> 407
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 178

Met Ala Val Pro Trp Leu Val Leu Leu Leu Ala Leu Pro Ile Phe Phe
1 5 10 15

Leu Gly Val Phe Val Trp Ala Val Phe Glu His Phe Leu Thr Thr Asp
20 25 30

Ile Pro Ala Thr Leu Gln His Pro Ala Lys Leu Arg Phe Leu His Cys
35 40 45

Ile Phe Leu Tyr Leu Val Thr Leu Gly Asn Ile Phe Glu Lys Leu Gly
50 55 60

Ile Cys Ser Met Pro Lys Phe Ile Arg Phe Leu His Asp Ser Val Arg
65 70 75 80

Ile Lys Lys Asp Pro Glu Leu Val Val Thr Asp Leu Arg Phe Gly Thr
85 90 95

Ile Pro Val Arg Leu Phe Gln Pro Lys Ala Ala Ser Ser Arg Pro Arg
100 105 110

Arg Gly Ile Ile Phe Tyr His Gly Gly Ala Thr Val Phe Gly Ser Leu
115 120 125

Asp Cys Tyr His Gly Leu Cys Asn Tyr Leu Ala Arg Glu Thr Glu Ser
130 135 140

Val Leu Leu Met Ile Gly Tyr Arg Lys Leu Pro Asp His His Ser Pro
15 150 155 160

Ala Leu Phe Gln Asp Cys Met Asn Ala Ser Ile His Phe Leu Lys Ala
165 170 175

Leu Glu Thr Tyr Gly Val Asp Pro Ser Arg Val Val Val Cys Gly Glu
180 185 190

Ser Val Gly Gly Ala Ala Val Ala Ala Ile Thr Gln Ala Leu Val Gly
195 200 205

Arg Ser Asp Leu Pro Arg Ile Arg Ala Gln Val Leu Ile Tyr Pro Val
210 215 220

Val Gln Ala Phe Cys Leu Gln Leu Pro Ser Phe Gln Gln Asn Gln Asn
225 230 235 240

05.10.04

XPs.ST25.txt

Val Pro Leu Leu Ser Arg Lys Phe Met Val Thr Ser Leu Cys Asn Tyr
 245 250 255

Leu Ala Ile Asp Leu Ser Trp Arg Asp Ala Ile Leu Asn Gly Thr Cys
 260 265 270

Val Pro Pro Asp Val Trp Arg Lys Tyr Glu Lys Trp Leu Ser Pro Asp
 275 280 285

Asn Ile Pro Lys Lys Phe Lys Asn Arg Gly Tyr Gln Pro Trp Ser Pro
 290 295 300

Gly Pro Phe Asn Glu Ala Ala Tyr Leu Glu Ala Lys His Met Leu Asp
 305 310 315 320

Val Glu Asn Ser Pro Leu Ile Ala Asp Asp Glu Val Ile Ala Gln Leu
 325 330 335

Pro Glu Ala Phe Leu Val Ser Cys Glu Asn Asp Ile Leu Arg Asp Asp
 340 345 350

Ser Leu Leu Tyr Lys Lys Arg Leu Glu Asp Gln Gly Val Arg Val Thr
 355 360 365

Trp Tyr His Leu Tyr Asp Gly Phe His Gly Ser Ile Ile Phe Phe Asp
 370 375 380

Lys Lys Ala Leu Ser Phe Pro Cys Ser Leu Lys Ile Val Asn Ala Val
 385 390 395 400

Val Ser Tyr Ile Lys Gly Ile
 405

<210> 179
 <211> 1176
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1176)
 <223>

<400> 179	
atg aat gat gat gga aaa gtc aat gct agc tct gag ggg tac ttt att	48
Met Asn Asp Asp Gly Lys Val Asn Ala Ser Ser Glu Gly Tyr Phe Ile	
1 5 10 15	
tta gtt gga ttt tct aat tgg cct cat ctg gaa gta gtt atc ttt gtg	96
Leu Val Gly Phe Ser Asn Trp Pro His Leu Glu Val Val Ile Phe Val	
20 25 30	
gtt gtc ttg atc ttc tac ttg atg aca ctg ata gga aac ctg ttc atc	144
Val Val Leu Ile Phe Tyr Leu Met Thr Leu Ile Gly Asn Leu Phe Ile	
35 40 45	

05.10.04

XP.S.ST25.txt

atc atc ctg tca tac ctg gac tcc cat ctg cac aca cca atg tac ttc Ile Ile Leu Ser Tyr Leu Asp Ser His Leu His Thr Pro Met Tyr Phe 50 55 60	192
ttc ctt tca aac ctc tca ttt ctg gat ctc tgc tac acc acc agc tct Phe Leu Ser Asn Leu Ser Phe Leu Asp Leu Cys Tyr Thr Thr Ser Ser 65 70 75 80	240
atc cct cag ttg ctg gtc aat ctc tgg ggc ccg gaa aag acc atc tct Ile Pro Gln Leu Leu Val Asn Leu Trp Gly Pro Glu Lys Thr Ile Ser 85 90 95	288
tat gct ggt tgc atg att caa ctt tac ttt gtt ctc gca ctg gga acc Tyr Ala Gly Cys Met Ile Gln Leu Tyr Phe Val Leu Ala Leu Gly Thr 100 105 110	336
aca gag tgt gtc cta ctg gtg gtg atg tcc tat gac cgt tat gca gct Thr Glu Cys Val Leu Leu Val Val Met Ser Tyr Asp Arg Tyr Ala Ala 115 120 125	384
gtg tgt aga cct ttg cat tac act gtc ctc atg cac cct cgt ttc tgc Val Cys Arg Pro Leu His Tyr Thr Val Leu Met His Pro Arg Phe Cys 130 135 140	432
atc ctg ctg gct gtg gct tct tgg gta agt ggt ttt acc aac tca gca His Leu Leu Ala Val Ala Ser Trp Val Ser Gly Phe Thr Asn Ser Ala 145 150 155 160	480
ctt cat tcc tcc ttc acc ttc tgg gta cct ctg tgt gga cac cgc caa Leu His Ser Ser Phe Thr Phe Trp Val Pro Leu Cys Gly His Arg Gln 165 170 175	528
gta gat cac ttt ttc tgt gaa gtt cca gca ctt ctg cga tta tcg tgt Val Asp His Phe Phe Cys Glu Val Pro Ala Leu Leu Arg Leu Ser Cys 180 185 190	576
gtt gat acc cat gtc aat gag ctg acc ctc atg atc aca agc tcc ata Val Asp Thr His Val Asn Glu Leu Thr Leu Met Ile Thr Ser Ser Ile 195 200 205	624
ttt gtt ctc ata cct ctc atc ctc att ctc act tct tat ggt gcc atc Phe Val Leu Ile Pro Leu Ile Leu Ile Leu Thr Ser Tyr Gly Ala Ile 210 215 220	672
gtc cga gct gta ctg agg atg cag tca acc act ggg ctt cag aaa gtg Val Arg Ala Val Leu Arg Met Gln Ser Thr Thr Gly Leu Gln Lys Val 225 230 235 240	720
ttt gga aca tgt gga gct cat ctt atg gct gta tct ctc ttt ttc att Phe Gly Thr Cys Gly Ala His Leu Met Ala Val Ser Leu Phe Phe Ile 245 250 255	768
ccg gcc atg tgc ata tat ctc cag cca cca tca gga aat tct caa gat Pro Ala Met Cys Ile Tyr Leu Gln Pro Pro Ser Gly Asn Ser Gln Asp 260 265 270	816
caa ggc aag ttc att gcc ctc ttt tat act gtt gtc aca cct agt ctt Gln Gly Lys Phe Ile Ala Leu Phe Tyr Thr Val Val Thr Pro Ser Leu 275 280 285	864
aac cct cta atc tac acc ctc aga aac aaa gtt aat cat agt gtc ttg Asn Pro Leu Ile Tyr Thr Leu Arg Asn Lys Val Asn His Ser Val Leu 290 295 300	912
gca acc aaa ggc aga tct ggt gct atg gag gac ctg ctt act gct atg Ala Thr Lys Gly Arg Ser Gly Ala Met Glu Asp Leu Leu Thr Ala Met 305 310 315 320	960

05.10.04

XPS.ST25.txt
 agg tgt tac ttt ata gag gtc ctg gag aag ctg att gag gcc acg tca 1008
 Arg Cys Tyr Phe Ile Glu Val Leu Glu Lys Leu Ile Glu Ala Thr Ser
 325 330 335
 atg ttg caa gga gac atg aga ctc aca tca gag ttc tat ggc tta aca 1056
 Met Leu Gln Gly Asp Met Arg Leu Thr Ser Glu Phe Tyr Gly Leu Thr
 340 345 350
 tgg ggg atg gtg aca ctt aca gat cac gta aat gga aac tct tca ggg 1104
 Trp Gly Met Val Thr Leu Thr Asp His Val Asn Gly Asn Ser Ser Gly
 355 360 365
 gat gag gga gaa tgc aac tct ctg agt gtc ttg gta tca gca aca gca 1152
 Asp Glu Gly Glu Cys Asn Ser Leu Ser Val Leu Val Ser Ala Thr Ala
 370 375 380
 cag aat ttt tca aaa gtt gac tga 1176
 Gln Asn Phe Ser Lys Val Asp
 385

<210> 180
 <211> 391
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 180

Met Asn Asp Asp Gly Lys Val Asn Ala Ser Ser Glu Gly Tyr Phe Ile
 1 5 10 15

Leu Val Gly Phe Ser Asn Trp Pro His Leu Glu Val Val Ile Phe Val
 20 25 30

Val Val Leu Ile Phe Tyr Leu Met Thr Leu Ile Gly Asn Leu Phe Ile
 35 40 45

Ile Ile Leu Ser Tyr Leu Asp Ser His Leu His Thr Pro Met Tyr Phe
 50 55 60

Phe Leu Ser Asn Leu Ser Phe Leu Asp Leu Cys Tyr Thr Thr Ser Ser
 70 75 80

Ile Pro Gln Leu Leu Val Asn Leu Trp Gly Pro Glu Lys Thr Ile Ser
 85 90 95

Tyr Ala Gly Cys Met Ile Gln Leu Tyr Phe Val Leu Ala Leu Gly Thr
 100 105 110

Thr Glu Cys Val Leu Leu Val Val Met Ser Tyr Asp Arg Tyr Ala Ala
 115 120 125

Val Cys Arg Pro Leu His Tyr Thr Val Leu Met His Pro Arg Phe Cys
 130 135 140

His Leu Leu Ala Val Ala Ser Trp Val Ser Gly Phe Thr Asn Ser Ala
 145 150 155 160

06.10.04

XPs.ST25.txt

Leu His Ser Ser Phe Thr Phe Trp Val Pro Leu Cys Gly His Arg Gln
165 170 175

Val Asp His Phe Phe Cys Glu Val Pro Ala Leu Leu Arg Leu Ser Cys
180 185 190

Val Asp Thr His Val Asn Glu Leu Thr Leu Met Ile Thr Ser Ser Ile
195 200 205

Phe Val Leu Ile Pro Leu Ile Leu Ile Leu Thr Ser Tyr Gly Ala Ile
210 215 220

Val Arg Ala Val Leu Arg Met Gln Ser Thr Thr Gly Leu Gln Lys Val
225 230 235 240

Phe Gly Thr Cys Gly Ala His Leu Met Ala Val Ser Leu Phe Phe Ile
245 250 255

Pro Ala Met Cys Ile Tyr Leu Gln Pro Pro Ser Gly Asn Ser Gln Asp
260 265 270

Gln Gly Lys Phe Ile Ala Leu Phe Tyr Thr Val Val Thr Pro Ser Leu
275 280 285

Asn Pro Leu Ile Tyr Thr Leu Arg Asn Lys Val Asn His Ser Val Leu
290 295 300

Ala Thr Lys Gly Arg Ser Gly Ala Met Glu Asp Leu Leu Thr Ala Met
305 310 315 320

Arg Cys Tyr Phe Ile Glu Val Leu Glu Lys Leu Ile Glu Ala Thr Ser
325 330 335

Met Leu Gln Gly Asp Met Arg Leu Thr Ser Glu Phe Tyr Gly Leu Thr
340 345 350

Trp Gly Met Val Thr Leu Thr Asp His Val Asn Gly Asn Ser Ser Gly
355 360 365

Asp Glu Gly Glu Cys Asn Ser Leu Ser Val Leu Val Ser Ala Thr Ala
370 375 380

Gln Asn Phe Ser Lys Val Asp
385 390

<210> 181
<211> 1233
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (646)..(918)

06.10.04

XPs.ST25.txt

<223>

<400> 181

```

gaagcagcca ccaccatctt gggagctctg ggagcaagga cccctgtaac acattcatcc      60
ttgaatgaca aaatgtcttg tccagcatgg tattataaca taaacatgaa gaggaagaga      120
catgagagat acgcacagtg aagagaccaa gctgggacac agtacgaagg tggcatctgc      180
acgccaagca gagggacctc agaagaaact gagccagcca gcaccccacc ttcgtctttg      240
acctccagcc tccagaacta aggatagagc tcttcatctc tgttagaaac gaccatcaaa      300
aagatacatc aattcattag aatcaaaagg acatgagtta tcagaattct ttctcctgaa      360
agaaagtgga gatcaaaggt aaaacttcta gagaatgaga tgaaggcaga tgaaagaagt      420
taacaagaca ttacatgact tgataatatt gcatgtatgc aaaaacctta tgaaatcaac      480
tgtgttctag cgaccacttg tttttctttt tgtcataata ctttttattc tcttgcaatg      540
atattgattc atctgcacct gacatcaact ctgcatttgt agaaggatgat aagaatacag      600
aaatggaa taagtggcct tgcctgcaat cccgcagcag cagaa atg tcc att tcc      657
                               Met Ser Ile Ser
                               1

tct ctc ctg aat aat act aca ttc tcc act ggg ttc cac aag ttt cga      705
Ser Leu Leu Asn Asn Thr Thr Phe Ser Thr Gly Phe His Lys Phe Arg
5                               10                               15                               20

ggg aaa agc atg aac ata cac gaa gtc acc atc act acc ctc acc acc      753
Gly Lys Ser Met Asn Ile His Glu Val Thr Ile Thr Thr Leu Thr Thr
25                               30                               35

acc acc att att tcc acc ata ttc acc ctt tta ata cgc aaa ctt cct      801
Thr Thr Ile Ile Ser Thr Ile Phe Thr Leu Leu Ile Arg Lys Leu Pro
40                               45                               50

cca agg ctt cct gaa gtc acc cag aaa tgc att tcc cca aga gtg agt      849
Pro Arg Leu Pro Glu Val Thr Gln Lys Cys Ile Ser Pro Arg Val Ser
55                               60                               65

tgt gct aac att gta tcc tat gga act ctg gga agc tac cca gat cct      897
Cys Ala Asn Ile Val Ser Tyr Gly Thr Leu Gly Ser Tyr Pro Asp Pro
70                               75                               80

aaa ctc ttg gag tct tgc tga ctgcatgttc caggctccac atttaagctc      948
Gln Leu Leu Glu Ser Cys
85                               90

cagtgactgc tgatgactgc atgacctaac acatgtcctc aatcctttct tggcctcagt      1008
ttcttcacca gtgaattctg aatgctggaa ttggcaatat ttcaggttct ttccaactgg      1068
aaatacccat gctaataatt ttagtaagtc aatagccata gaaacctact gacaaaatga      1128
gtattttaac agagacagtt gtactttctt aatttttagc agaagggaat gcatatgtat      1188
aatatctatg ttgccttcta tgtgtaaaaa taaatacaca gacac      1233

```

<210> 182

<211> 90

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 182

05.10.04

XPs.ST25.txt

Met Ser Ile Ser Ser Leu Leu Asn Asn Thr Thr Phe Ser Thr Gly Phe
1 5 10 15

His Lys Phe Arg Gly Lys Ser Met Asn Ile His Glu Val Thr Ile Thr
20 25 30

Thr Leu Thr Thr Thr Thr Ile Ile Ser Thr Ile Phe Thr Leu Leu Ile
35 40 45

Arg Lys Leu Pro Pro Arg Leu Pro Glu Val Thr Gln Lys Cys Ile Ser
50 55 60

Pro Arg Val Ser Cys Ala Asn Ile Val Ser Tyr Gly Thr Leu Gly Ser
65 70 75 80

Tyr Pro Asp Pro Gln Leu Leu Glu Ser Cys
85 90

<210> 183
<211> 1850
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (2)..(1597)
<223>

<400> 183
g atg cag cag gag gcc gcg cag cgc gag agc gag gag ctg cag cac gtg 49
Met Gln Gln Glu Ala Ala Gln Arg Glu Ser Glu Glu Leu Gln His Val 15
1 5 10

cag tgg cgg ccg cgt gcc gtg agc ggc tgg ggc gtc ccg cag cta ctg 97
Gln Trp Arg Pro Arg Ala Val Ser Gly Trp Gly Val Pro Gln Leu Leu 30
20 25

tgg tac ctg gtg ttc ctg cag ccc atc atc acc gag gtg cac ctg cgg 145
Pro Tyr Leu Val Phe Leu Gln Pro Ile Ile Thr Glu Val His Leu Arg 45
35 40

cgc agg aac gtg cag ttc ctt ttc atc cgc ttt agc gcc tgg cag tac 193
Arg Arg Asn Val Gln Phe Leu Phe Ile Arg Phe Ser Ala Trp Gln Tyr 60
50 55

gcg ggc acc gac aag ctg tgg gcc ggc ctg gtg acc acg ttg tgc gag 241
Ala Gly Thr Asp Lys Leu Trp Ala Gly Leu Val Thr Thr Leu Cys Glu 80
65 70 75

ggc atc cgc cgc cac tat ggc gca ctg ccc ttc agc gtg tac tgc gtg 289
Gly Ile Arg Arg His Tyr Gly Ala Leu Pro Phe Ser Val Tyr Ser Val 95
85 90

ctg ggc aac aag ccg gcc acc agg cag gac tgc tgc cag agc gag tgg 337
Leu Gly Asn Lys Pro Ala Thr Arg Gln Asp Cys Cys Gln Ser Glu Trp 110
100 105

cat tgt cgg cgc cgc gtg tgc ctg ggg ctg ctg gcg ctg ctg gcg gcg 385
His Cys Arg Arg Arg Val Cys Leu Gly Leu Leu Ala Leu Leu Ala Ala 125
115 120

05.10.04

XPs.ST25.txt

ctg ggc ctg ggt gtg ggg ctg ctc tac ttg tca ctg ggc ggc cac gcg Leu Gly Leu Gly Val Gly Leu Leu Tyr Leu Ser Leu Gly Gly His Ala 130 135 140	433
ctg ggc cac ggc agc ccg agc ggc agc ctg ctc aag gtg ttt ggc ggc Leu Gly His Gly Ser Pro Ser Gly Ser Leu Leu Lys Val Phe Gly Gly 145 150 155 160	481
gcg gcc acc aca ctg tcg ggc tcg ggg ctg ctc atg gcc gtg tac tcg Ala Ala Thr Thr Leu Ser Gly Ser Gly Leu Leu Met Ala Val Tyr Ser 165 170 175	529
gtg ggc aag cac ctg ttc gta agc cag cgc aag aag atc gag cgg ctg Val Gly Lys His Leu Phe Val Ser Gln Arg Lys Lys Ile Glu Arg Leu 180 185 190	577
gtg tcg cgt gaa aag ttc ggc agc cag ctg ggt ttc atg tgc gag gtg Val Ser Arg Glu Lys Phe Gly Ser Gln Leu Gly Phe Met Cys Glu Val 195 200 205	625
aag aag gag gtg gag ctg ctc acc gac ttc ctg tgc ttc ctg gag atc Lys Lys Glu Val Glu Leu Leu Thr Asp Phe Leu Cys Phe Leu Glu Ile 210 215 220	673
cc cag cgg cgc agg ctg cgc gtg gtg ctg gag gtc acc ggg ctg gac Tyr Gln Arg Arg Arg Leu Arg Val Val Leu Glu Val Thr Gly Leu Asp 225 230 235 240	721
acg tgc tac ccg gag cgc gtg gtg ggc gtg ctc aac gcc atc aac acg Thr Cys Tyr Pro Glu Arg Val Val Gly Val Leu Asn Ala Ile Asn Thr 245 250 255	769
ctg ctg tcc gac agc cac gcg ccc ttc atc ttc atc ctg gtc gtg gac Leu Leu Ser Asp Ser His Ala Pro Phe Ile Phe Ile Leu Val Val Asp 260 265 270	817
ccc agc atc ctg gcc gcg tgc cta gag agc gcg ggc aac atg aag ggc Pro Ser Ile Leu Ala Ala Cys Leu Glu Ser Ala Gly Asn Met Lys Gly 275 280 285	865
acg gcc gat aac ggc tac ctc ttc ctc aac cgc act gtc acg ctg ccc Thr Ala Asp Asn Gly Tyr Leu Phe Leu Asn Arg Thr Val Thr Leu Pro 290 295 300	913
ttc tct gtg ccc att atg ggc cgc cgc acc aag ctg cag ttc ctg cac Phe Ser Val Pro Ile Met Gly Arg Arg Thr Lys Leu Gln Phe Leu His 305 310 315 320	961
gat gcg gtg cag agc cgc gac gac ctg ttg tac cgc gag atg acg cgc Asp Ala Val Gln Ser Arg Asp Asp Leu Tyr Arg Glu Met Thr Arg 325 330 335	1009
aag ccg tgg ctg ccg ggg gac gcc ggg ggc gag agc gcg cag ctg ctg Lys Pro Trp Leu Pro Gly Asp Ala Gly Gly Glu Ser Ala Gln Leu Leu 340 345 350	1057
gcg gtg cag gcg cag gcg ggg acg gag cgc ggg cag ggc cgc atc gac Ala Val Gln Ala Gln Ala Gly Thr Glu Arg Gly Gln Gly Arg Ile Asp 355 360 365	1105
gac gag gcg gcg cgg cga atc cag gag gcg ctc ttc tgc ctt cac gac Asp Glu Ala Ala Arg Arg Ile Gln Glu Ala Leu Phe Cys Leu His Asp 370 375 380	1153
gag cgc gac tgc ctc tac gag tac gtg ccc gac aac gtg gtg tcc atg Glu Arg Asp Cys Leu Tyr Glu Tyr Val Pro Asp Asn Val Val Ser Met 385 390 395 400	1201

08.10.04

XPs.ST25.txt

cgg cgc atc gtc aac acc gtg ccc atc acc gtg cgc ctg ctg cag cag	1249
Arg Arg Ile Val Asn Thr Val Pro Ile Thr Val Arg Leu Leu Gln Gln	
405 410 415	
cag cag cag cag ggg gac ttt ggg ggc ccc acg ccg cgc cag gcg gtg	1297
Gln Gln Gln Gln Gly Asp Phe Gly Gly Pro Thr Pro Arg Gln Ala Val	
420 425 430	
gcg tgg gtg gtg ctc gcc aac cag tgg ccg tgc cgc ctg agc tgg gcg	1345
Ala Trp Val Val Leu Ala Asn Gln Trp Pro Cys Arg Leu Ser Trp Ala	
435 440 445	
ctg cag tgc ctg gag gac cgg cag cag acc ggg ggc gcg ccc gag ggc	1393
Leu Gln Cys Leu Glu Asp Arg Gln Gln Thr Gly Gly Ala Pro Glu Gly	
450 455 460	
cgc gcg cgc ctc tgg gac gtt ttc cgc gat acc ccc cac gct gcc cac	1441
Arg Ala Arg Leu Trp Asp Val Phe Arg Asp Thr Pro His Ala Ala His	
465 470 475 480	
cgg gcc aac agc gcc tcc agg gcg ccc ccg tgc ggc cgt gcc tca ggg	1489
Arg Ala Asn Ser Ala Ser Arg Ala Pro Pro Ser Gly Arg Ala Ser Gly	
485 490 495	
aa gcc ggc gaa ggc cac cac act ggg gac ttg gcc cac agg ggc aag	1537
Gln Ala Gly Glu Gly His His Thr Gly Asp Leu Ala His Arg Gly Lys	
500 505 510	
cta tgg ccg gtg gcc tgt gcg ctc ttc cgt cca ggg caa tcc agc cca	1585
Leu Trp Pro Val Ala Cys Ala Leu Phe Arg Pro Gly Gln Ser Ser Pro	
515 520 525	
ggt ggg cct taa atggaggact tggcgggcag caggaggcaa gggttcctcc	1637
Gly Gly Pro	
530	
atctgcccag atgggagaat agggggctgg actggggccg caaccaggg tccgaatgag	1697
ccctgtgagg ccacacccc caggtgaacc tgagccagag ccgtggacat agcttccaag	1757
gagtgcggcc acaagccggt gccagcatga gagcaggcac agaaggacca gtgaggaagt	1817
cagggtatac atgcaataaa tggaggtggt gag	1850

210> 184
 11> 531
 12> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 184

Met Gln Gln Glu Ala Ala Gln Arg Glu Ser Glu Glu Leu Gln His Val
 1 5 10 15

Gln Trp Arg Pro Arg Ala Val Ser Gly Trp Gly Val Pro Gln Leu Leu
 20 25 30

Trp Tyr Leu Val Phe Leu Gln Pro Ile Ile Thr Glu Val His Leu Arg
 35 40 45

Arg Arg Asn Val Gln Phe Leu Phe Ile Arg Phe Ser Ala Trp Gln Tyr
 50 55 60

05.10.04

XPs.ST25.txt

Ala Gly Thr Asp Lys Leu Trp Ala Gly Leu Val Thr Thr Leu Cys Glu
65 70 75 80

Gly Ile Arg Arg His Tyr Gly Ala Leu Pro Phe Ser Val Tyr Ser Val
85 90 95

Leu Gly Asn Lys Pro Ala Thr Arg Gln Asp Cys Cys Gln Ser Glu Trp
100 105 110

His Cys Arg Arg Arg Val Cys Leu Gly Leu Leu Ala Leu Leu Ala Ala
115 120 125

Leu Gly Leu Gly Val Gly Leu Leu Tyr Leu Ser Leu Gly Gly His Ala
130 135 140

Leu Gly His Gly Ser Pro Ser Gly Ser Leu Leu Lys Val Phe Gly Gly
145 150 155 160

Ala Ala Thr Thr Leu Ser Gly Ser Gly Leu Leu Met Ala Val Tyr Ser
165 170 175

Val Gly Lys His Leu Phe Val Ser Gln Arg Lys Lys Ile Glu Arg Leu
180 185 190

Val Ser Arg Glu Lys Phe Gly Ser Gln Leu Gly Phe Met Cys Glu Val
195 200 205

Lys Lys Glu Val Glu Leu Leu Thr Asp Phe Leu Cys Phe Leu Glu Ile
210 215 220

Tyr Gln Arg Arg Arg Leu Arg Val Val Leu Glu Val Thr Gly Leu Asp
225 230 235 240

Thr Cys Tyr Pro Glu Arg Val Val Gly Val Leu Asn Ala Ile Asn Thr
245 250 255

Leu Leu Ser Asp Ser His Ala Pro Phe Ile Phe Ile Leu Val Val Asp
260 265 270

Pro Ser Ile Leu Ala Ala Cys Leu Glu Ser Ala Gly Asn Met Lys Gly
275 280 285

Thr Ala Asp Asn Gly Tyr Leu Phe Leu Asn Arg Thr Val Thr Leu Pro
290 295 300

Phe Ser Val Pro Ile Met Gly Arg Arg Thr Lys Leu Gln Phe Leu His
305 310 315 320

Asp Ala Val Gln Ser Arg Asp Asp Leu Leu Tyr Arg Glu Met Thr Arg
325 330 335

05.10.04

XPs.ST25.txt

Lys Pro Trp Leu Pro Gly Asp Ala Gly Gly Glu Ser Ala Gln Leu Leu
340 345 350

Ala Val Gln Ala Gln Ala Gly Thr Glu Arg Gly Gln Gly Arg Ile Asp
355 360 365

Asp Glu Ala Ala Arg Arg Ile Gln Glu Ala Leu Phe Cys Leu His Asp
370 375 380

Glu Arg Asp Cys Leu Tyr Glu Tyr Val Pro Asp Asn Val Val Ser Met
385 390 395 400

Arg Arg Ile Val Asn Thr Val Pro Ile Thr Val Arg Leu Leu Gln Gln
405 410 415

Gln Gln Gln Gln Gly Asp Phe Gly Gly Pro Thr Pro Arg Gln Ala Val
420 425 430

Ala Trp Val Val Leu Ala Asn Gln Trp Pro Cys Arg Leu Ser Trp Ala
435 440 445

Leu Gln Cys Leu Glu Asp Arg Gln Gln Thr Gly Gly Ala Pro Glu Gly
450 455 460

Arg Ala Arg Leu Trp Asp Val Phe Arg Asp Thr Pro His Ala Ala His
465 470 475 480

Arg Ala Asn Ser Ala Ser Arg Ala Pro Pro Ser Gly Arg Ala Ser Gly
485 490 495

Gln Ala Gly Glu Gly His His Thr Gly Asp Leu Ala His Arg Gly Lys
500 505 510

Leu Trp Pro Val Ala Cys Ala Leu Phe Arg Pro Gly Gln Ser Ser Pro
515 520 525

Gly Gly Pro
530

<210> 185
<211> 534
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (77)..(463)
<223>

<400> 185
acaattgtgt cttcttccag atgtcatcgc tataaggagt ggggctttca tcacctcctt 60

gacgtaggat gtgtac atg gct ctc cag gtc aga gtt gct cca agc aag gtt 112
Met Ala Leu Gln Val Arg Val Ala Pro Ser Lys Val
1 5 10

05.10.04

XPs.ST25.txt

gtt ttg cag aag ttt ctt cta tgt gtc att ctt ttc tac act gtg tac 160
Val Leu Gln Lys Phe Leu Leu Cys Val Ile Leu Phe Tyr Thr Val Tyr
15 20 25

tat gtg tcc ctg agc atg ggc tgc gtg atg ttt gag gtg cat gag ttg 208
Tyr Val Ser Leu Ser Met Gly Cys Val Met Phe Glu Val His Glu Leu
30 35 40

aat gtc ctg gct cca ttt gat ttc aaa aca aat ccc tca tgg ctc aac 256
Asn Val Leu Ala Pro Phe Asp Phe Lys Thr Asn Pro Ser Trp Leu Asn
45 50 55 60

ata aac tat aaa gtt ctt tta gtt tca aca gag gtc acc tac ttt gtt 304
Ile Asn Tyr Lys Val Leu Leu Val Ser Thr Glu Val Thr Tyr Phe Val
65 70 75

tgt gga ttg ttt ttt gtt cca gtt gtg gaa gaa tgg gtt tgg gat tat 352
Cys Gly Leu Phe Phe Val Pro Val Val Glu Glu Trp Val Trp Asp Tyr
80 85 90

gct att tca gtc act att ctt cat gtt gcc atc act tca act gtt atg 400
Ala Ile Ser Val Thr Ile Leu His Val Ala Ile Thr Ser Thr Val Met
95 100 105

ttg gaa ttc ccc ttg aca tca cat tgg tgg gct gct tta ggt ata tca 448
Leu Glu Phe Pro Leu Thr Ser His Trp Trp Ala Ala Leu Gly Ile Ser
110 115 120

aaa ttg ctt gtt tag attctctaatt gcacagaaat aatgttaaata agaataactg 503
Lys Leu Leu Val
125

tggaatatata ttttatttttc tcatagattt t 534

<210> 186
<211> 128
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 186

Met Ala Leu Gln Val Arg Val Ala Pro Ser Lys Val Val Leu Gln Lys
1 5 10 15

Leu Leu Cys Val Ile Leu Phe Tyr Thr Val Tyr Tyr Val Ser Leu
20 25 30

Ser Met Gly Cys Val Met Phe Glu Val His Glu Leu Asn Val Leu Ala
35 40 45

Pro Phe Asp Phe Lys Thr Asn Pro Ser Trp Leu Asn Ile Asn Tyr Lys
50 55 60

Val Leu Leu Val Ser Thr Glu Val Thr Tyr Phe Val Cys Gly Leu Phe
65 70 75 80

Phe Val Pro Val Val Glu Glu Trp Val Trp Asp Tyr Ala Ile Ser Val
85 90 95

Thr Ile Leu His Val Ala Ile Thr Ser Thr Val Met Leu Glu Phe Pro

08.10.04

XPs.ST25.txt
105

100

110

Leu Thr Ser His Trp Trp Ala Ala Leu Gly Ile Ser Lys Leu Leu Val
115 120 125

<210> 187
<211> 615
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (10)..(375)
<223>

<400> 187
ggggatgtg atg tca ggc ttg att gtg ggc ata tta ttg gtg ccc cag tcc 51
Met Ser Gly Leu Ile Val Gly Ile Leu Leu Val Pro Gln Ser
1 5 10

att gct tat tcc ctg ctg gct ggc caa gaa cct gtc tat ggt ctg tac 99
Ile Ala Tyr Ser Leu Leu Ala Gly Gln Glu Pro Val Tyr Gly Leu Tyr
20 25 30

aca tct ttt ttt gcc agc atc att tat ttt ctc ttg ggt acc tcc cgt 147
Thr Ser Phe Phe Ala Ser Ile Ile Tyr Phe Leu Leu Gly Thr Ser Arg
35 40 45

cac atc tct gtg ggc att ttt gga gta ctg tgc ctt atg att ggt gag 195
His Ile Ser Val Gly Ile Phe Gly Val Leu Cys Leu Met Ile Gly Glu
50 55 60

aca gtt gac cga gaa cta cag aaa gct ggc tat gac aat gcc cat agt 243
Thr Val Asp Arg Glu Leu Gln Lys Ala Gly Tyr Asp Asn Ala His Ser
65 70 75

gct cct tcc tta gga atg gtt tca aat ggg agc aca tta tta aat cat 291
Ala Pro Ser Leu Gly Met Val Ser Asn Gly Ser Thr Leu Leu Asn His
80 85 90

aca tca gac agg ata tgt gac aaa agt tgc tat gca att atg gtt ggc 339
Thr Ser Asp Arg Ile Cys Asp Lys Ser Cys Tyr Ala Ile Met Val Gly
95 100 105 110

act gta acc ttt ata gct gga gtt tat cag tga ttgttttggt 385
Thr Val Thr Phe Ile Ala Gly Val Tyr Gln
115 120

aatgtggaag caacattttc tatgattaat ctgctgttac ctgttttgac tgagctacta 445

caaaaagaaa aatcactgaa ttgctatggg tttctgaaat atccaaaaaa ttaacctgaa 505

gcagggggaa aaatgacatc acaccattag caggtattgt gtgaaacttc taaaaatgaa 565

actgacattt atctgactta ttaggaataa atactctcta atgaactctc 615

<210> 188
<211> 121
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 188

Met Ser Gly Leu Ile Val Gly Ile Leu Leu Val Pro Gln Ser Ile Ala
1 5 10 15

08.10.04

XPs.ST25.txt

Tyr Ser Leu Leu Ala Gly Gln Glu Pro Val Tyr Gly Leu Tyr Thr Ser
20 25 30

Phe Phe Ala Ser Ile Ile Tyr Phe Leu Leu Gly Thr Ser Arg His Ile
35 40 45

Ser Val Gly Ile Phe Gly Val Leu Cys Leu Met Ile Gly Glu Thr Val
50 55 60

Asp Arg Glu Leu Gln Lys Ala Gly Tyr Asp Asn Ala His Ser Ala Pro
65 70 75 80

Ser Leu Gly Met Val Ser Asn Gly Ser Thr Leu Leu Asn His Thr Ser
85 90 95

Asp Arg Ile Cys Asp Lys Ser Cys Tyr Ala Ile Met Val Gly Ser Thr
100 105 110

Val Thr Phe Ile Ala Gly Val Tyr Gln
115 120

<210> 189
<211> 390
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(390)
<223>

<400> 189
atg gaa gtg ata tta cca gac aaa cct cag gta gat gca ctg gcc ttt 48
Met Glu Val Ile Leu Pro Asp Lys Pro Gln Val Asp Ala Leu Ala Phe
1 5 10 15

gca gct gct gtc acc atg ctg tgg ata acg ctg ccc atg agt cct ttt 96
Ala Ala Val Thr Met Leu Trp Ile Thr Leu Pro Met Ser Pro Phe
20 25 30

gca gaa gca gag aaa ttg gca tgg gat ctg gag gtt gga ggt tta gct 144
Ala Glu Ala Glu Lys Leu Ala Trp Asp Leu Glu Val Gly Gly Leu Ala
35 40 45

gga cag ccc ctt aaa gtt ttc act cca cgt aaa aaa ggt tct ggg gaa 192
Gly Gln Pro Leu Lys Val Phe Thr Pro Arg Lys Lys Gly Ser Gly Glu
50 55 60

gtg ggt gat gct tct cag tcg ccc agc aga agc aat gat ggc cag cat 240
Val Gly Asp Ala Ser Gln Ser Pro Ser Arg Ser Asn Asp Gly Gln His
65 70 75 80

tcc tgc att ggc cac agc aga gat ctc tgc tgc tac act gct cag acc 288
Ser Cys Ile Gly His Ser Arg Asp Leu Cys Cys Tyr Thr Ala Gln Thr
85 90 95

ctc ata atc tcc tac aca tca aat ggt ctt tct cct tta gca act cca 336
Leu Ile Ile Ser Tyr Thr Ser Asn Gly Leu Ser Pro Leu Ala Thr Pro
100 105 110

05.10.04

XP5.ST25.txt

ccc ttc cac cct att cct gga aac tgc tac gac agt gtt gat tat aaa 384
Pro Phe His Pro Ile Pro Gly Asn Cys Tyr Asp Ser Val Asp Tyr Lys
115 120 125

ata tag 390
Ile

<210> 190
<211> 129
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 190

Met Glu Val Ile Leu Pro Asp Lys Pro Gln Val Asp Ala Leu Ala Phe
1 5 10 15

Leu Ala Ala Val Thr Met Leu Trp Ile Thr Leu Pro Met Ser Pro Phe
20 25 30

Ala Glu Ala Glu Lys Leu Ala Trp Asp Leu Glu Val Gly Gly Leu Ala
35 40 45

Gly Gln Pro Leu Lys Val Phe Thr Pro Arg Lys Lys Gly Ser Gly Glu
50 55 60

Val Gly Asp Ala Ser Gln Ser Pro Ser Arg Ser Asn Asp Gly Gln His
65 70 75 80

Ser Cys Ile Gly His Ser Arg Asp Leu Cys Cys Tyr Thr Ala Gln Thr
85 90 95

Leu Ile Ile Ser Tyr Thr Ser Asn Gly Leu Ser Pro Leu Ala Thr Pro
100 105 110

Pro Phe His Pro Ile Pro Gly Asn Cys Tyr Asp Ser Val Asp Tyr Lys
115 120 125

Ile

<210> 191
<211> 3066
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(3066)
<223>

<400> 191 48
atg agc tgc ctc aga gac gct tct att ggt ttc aag aag gag tta gtg
Met Ser Cys Leu Arg Asp Ala Ser Ile Gly Phe Lys Lys Glu Leu Val
1 5 10 15

XPs.ST25.txt

aag Lys	gag Glu	cag Gln	agg Arg 20	cac His	ctg Leu	gat Asp	cgt Arg	cag Gln 25	gct Ala	ttc Phe	atc Ile	ttc Phe	acg Thr 30	ttt Phe	cag Gln	96
aca Thr	ata Ile	gtc Val 35	att Ile	gag Glu	tgc Cys	cat His	gtc Val 40	atc Ile	cac His	att Ile	tat Tyr	ggc Gly 45	cca Pro	gtg Val	aca Thr	144
atg Met	act Thr 50	gga Gly	gga Gly	aac Asn	aac Asn	aag Lys 55	gac Asp	gac Asp	aat Asn	gaa Glu	aac Asn 60	aaa Lys	gga Gly	ggg Gly	gct Ala	192
ctg Leu 65	gac Asp	tcc Ser	tgg Trp	cgc Arg	agg Arg 70	gac Asp	agg Arg	agg Arg	tct Ser	aag Lys 75	aag Lys	aga Arg	cag Gln	gtg Val	agt Ser 80	240
ggg Gly	ctc Leu	aag Lys	gtc Val 85	gtg Val 85	aac Asn	atc Ile	cga Arg	aat Asn	cag Gln 90	gtc Val	tgc Cys	agg Arg	gag Glu	ggg Gly 95	ctc Leu	288
cgg Arg	act Thr	cca Pro	ggc Gly 100	ccc Pro	agg Arg	gac Asp	agg Arg	agg Arg 105	tcc Ser	gag Glu	aag Lys	aga Arg	cag Gln 110	gtg Val	agt Ser	336
ggg Gly	ctc Leu	ggg Gly 115	gat Asp	gtg Val	aac Asn	atc Ile	cca Pro 120	aat Asn	cag Gln	gtc Val	tgc Cys	agt Ser 125	cag Gln	ggg Gly	ctc Leu	384
cgg Arg	act Thr 130	cca Pro	gac Asp	cac His	agg Arg	gac Asp 135	agg Arg	agg Arg	tct Ser	gag Glu	atg Met 140	gga Gly	cag Gln	gtg Val	agt Ser	432
ggg Gly 145	ctt Leu	aag Lys	gac Asp	gtg Val 150	aac Asn	atc Ile	cca Pro	aat Asn	cag Gln	gtc Val 155	tgc Cys	agg Arg	gag Glu	ggg Gly	ctc Leu 160	480
cgg Arg	act Thr	cca Pro	gac Asp	ccc Pro 165	agg Arg	gac Asp	agg Arg	agg Arg	tcc Ser 170	gag Glu	cag Gln	aga Arg	cac His	gtg Val 175	cgt Arg	528
ggg Gly	ctc Leu	aag Lys	gac Asp 180	gtg Val	aac Asn	atc Ile	cca Pro	aat Asn 185	cag Gln	gtc Val	tgc Cys	agg Arg	gag Glu 190	ggg Gly	ctc Leu	576
cgg Arg	act Thr	cca Pro 195	ggc Gly	ccc Pro	agg Arg	gac Asp	agg Arg 200	agg Arg	tcc Ser	gag Glu	aag Lys	aga Arg 205	cag Gln	gtg Val	agt Ser	624
ggg Gly	ctc Leu 210	ggg Gly	gac Asp	gtg Val	aac Asn	atc Ile 215	cca Pro	aat Asn	cag Gln	gtc Val	tgc Cys 220	agg Arg	gag Glu	ggg Gly	ctg Leu	672
cgg Arg 225	act Thr	cct Pro	ggc Gly	ccc Pro 230	agg Arg	gac Asp	agg Arg	agt Ser	tcc Ser	gag Glu 235	aag Lys	aga Arg	cag Gln	gcc Ala	cca Pro 240	720
ggc Gly	tcc Ser	agg Arg	gac Asp	acc Thr 245	agg Arg	tcc Ser	gag Glu	aag Lys	aga Arg 250	gag Glu	gtg Val	agt Ser	ggg Gly	ctt Leu 255	aag Lys	768
gac Asp	gtg Val	aac Asn	atc Ile 260	cca Pro	aat Asn	cag Gln	gtc Val	tgc Cys 265	agg Arg	gag Glu	ggg Gly	ctc Leu	tgg Trp 270	act Thr	cca Pro	816
ggc Gly	ccc Pro	agg Arg 275	gac Asp	agg Arg	agg Arg	ttc Phe	aat Asn 280	aag Lys	aga Arg	cag Gln	ttg Leu	tta Leu 285	tat Tyr	cat His	ctc Leu	864

05.10.04

XPs.ST25.txt

agc Ser 290	tca Ser 290	ttt Phe	cac His	ctc Leu	att Ile	gtc Val 295	cta Leu	tac Tyr	ttc Phe	ctt Leu	gtg Val 300	cct Pro	gta Val	ccc Pro	gtg Val	912
gat Asp 305	ttc Phe	aat Asn	ggc Gly	ttt Phe	tcc Ser 310	ggg Gly	ctt Leu	cta Leu	tat Tyr	tca Ser 315	ctg Leu	act Thr	ctg Leu	cag Gln	tct Ser 320	960
cac His	caa Gln	ggg Gly	gag Glu	aag Lys 325	tac Tyr	caa Gln	gtc Val	acc Thr	agg Arg 330	aat Asn	gtg Val	acc Thr	ata Ile	ggc Gly 335	ccg Pro	1008
ccg Pro	gcc Ala	ttg Leu	gcc Ala 340	tgc Cys	aca Thr	ctc Leu	ctg Leu	gcg Ala 345	cta Leu	aag Lys	gcc Ala	cca Pro	ggc Gly 350	atc Ile	cca Pro	1056
ctg Leu	aga Arg	ggg Gly 355	gcc Ala	gtc Val	gtg Val	ggg Gly	cac His 360	agc Ser	ggg Gly	gca Ala	ggc Gly	cat His 365	cgg Arg	gag Glu	cgg Arg	1104
ctg Leu	gca Ala 370	ggg Gly	gct Ala	ctt Leu	ctg Leu	cct Pro 375	gct Ala	tcc Ser	cga Arg	gtg Val	ggg Gly 380	gct Ala	ggg Gly	cca Pro	ggg Gly	1152
ctc Ala 385	ctc Leu	tca Ser	tct Ser	cat His	cct Pro 390	gtg Val	cac His	ctc Leu	tcg Ser	gcc Ala 395	agt Ser	gtg Val	gcc Ala	tca Ser	tcc Ser 400	1200
cgg Arg	gct Ala	gta Val	cca Pro	gac Asp 405	cat His	gcc Ala	att Ile	ggg Gly	cac His 410	agc Ser	ttc Phe	gtc Val	ttc Phe	aag Lys 415	atg Met	1248
aaa Lys	tgt Cys	tgt Cys	gag Glu 420	gat Asp	cac His	agg Arg	gag Glu	cgt Arg 425	gga Gly	tgg Trp	aag Lys	gac Asp	tta Leu 430	ggc Gly	cag Gln	1296
cac His	cag Gln	acg Thr 435	gag Glu	ccc Pro	tgg Trp	gcc Ala	gct Ala 440	gcc Ala	tca Ser	gtc Val	tgc Cys	tgg Trp 445	ggc Gly	tcc Ser	gtg Val	1344
gtc Val 450	agc Ser	cgc Arg	cag Gln	ctg Leu	ggg Gly	ccc Pro 455	acc Thr	tgt Cys	ctg Leu	agc Ser	cgc Arg 460	aat Asn	ggc Gly	acc Thr	ctt Leu	1392
gaa Glu 465	gac Asp	aaa Lys	gcc Ala	gcc Ala	tgg Trp 470	gct Ala	gat Asp	gta Val	cct Pro	ggg Gly 475	gct Ala	gtc Val	ctg Leu	ggg Gly	cct Pro 480	1440
ccc Ser	acc Thr	cct Pro	gct Ala	ccc Pro 485	tgt Cys	gat Asp	cct Pro	cac His	aat Asn 490	gtc Val	cgc Arg	acg Thr	agg Arg	cag Gln 495	gca Ala	1488
cag Gln	atg Met	ggg Gly	gca Ala 500	tgg Trp	agg Arg	cgc Arg	gag Glu	caa Gln 505	aga Arg	aga Arg	gag Glu	acc Thr	aag Lys 510	atc Ile	cag Gln	1536
ggc Gly	acg Thr	gct Ala 515	gca Ala	gga Gly	cct Pro	gag Glu	ccc Pro 520	ctc Leu	ttt Phe	caa Gln	gat Asp	gta Val 525	gag Glu	ata Ile	cct Pro	1584
gtg Val 530	gga Gly	tat Tyr	gag Glu	gca Ala	ggc Gly	agg Arg 535	acc Thr	ctg Leu	tgc Cys	cac His	ttc Phe 540	tac Tyr	ctg Leu	gga Gly	gca Ala	1632
cca Pro 545	tgc Cys	aag Lys	tgt Cys	gag Glu	cct Pro 550	gaa Glu	gct Ala	ggg Gly	gcc Ala	cag Gln 555	agg Arg	gct Ala	gag Glu	tac Tyr	ctg Leu 560	1680

05.10.04

XP5.ST25.txt

acc cga gtt gca cag ctg gct ctg gca gac cag aca gtg gct ccc tta	1728
Thr Arg Val Ala Gln Leu Ala Leu Ala Asp Gln Thr Val Ala Pro Leu	
565 570 575	
gag cag cac aca gag gcc gtc ttc tcc tgc gca gct caa tgc ttt gtc	1776
Glu Gln His Thr Glu Ala Val Phe Ser Cys Ala Ala Gln Cys Phe Val	
580 585 590	
ctg gac cga acc ctc act cac tgc gtg cct ccc ttc cgt gaa ctt ttg	1824
Leu Asp Arg Thr Leu Thr His Cys Val Pro Pro Phe Arg Glu Leu Leu	
595 600 605	
aca ggt gaa ccc tta ttt gct ggt cac tgt atg ctc agc aat ctt act	1872
Thr Gly Glu Pro Leu Phe Ala Gly His Cys Met Leu Ser Asn Leu Thr	
610 615 620	
tgg ctg gtg aat gcg aac aag gag tca gtg cca tcc cca acc ctg acc	1920
Trp Leu Val Asn Ala Asn Lys Glu Ser Val Pro Ser Pro Thr Leu Thr	
625 630 635 640	
cct aag tct cac cag gag ctt tca gct ccg tct ctt tcc atc tgc tgg	1968
Pro Lys Ser His Gln Glu Leu Ser Ala Pro Ser Leu Ser Ile Cys Trp	
645 650 655	
ctg agc ccc gag aac tcc agg gat ggc gag gag ccc ggg ctg cat ggg	2016
Leu Ser Pro Glu Asn Ser Arg Asp Gly Glu Glu Pro Gly Leu His Gly	
660 665 670	
aag gag gtt ggc cct cgg gat gac caa cca ggg gtg gac gac act gcc	2064
Lys Glu Val Gly Pro Arg Asp Asp Gln Pro Gly Val Asp Asp Thr Ala	
675 680 685	
cct gca gtg atc caa cat gga caa tgt cct tgc atg ctg ctc tgg atc	2112
Pro Ala Val Ile Gln His Gly Gln Cys Pro Cys Met Leu Leu Trp Ile	
690 695 700	
aga gtg aag gcc acc cag gca aac ggc aca gac atg cac ctg tgc agg	2160
Arg Val Lys Ala Thr Gln Ala Asn Gly Thr Asp Met His Leu Cys Arg	
705 710 715 720	
aaa acc att ccc aaa gaa aaa gca gac caa gga gca gaa ggc cga aag	2208
Lys Thr Ile Pro Lys Glu Lys Ala Asp Gln Gly Ala Glu Gly Arg Lys	
725 730 735	
caa tgg gag ttt gga agt ggt gat atg aca cag gag gac gtc aag gga	2256
Gln Trp Glu Phe Gly Ser Gly Asp Met Thr Gln Glu Asp Val Lys Gly	
740 745 750	
tca ggg tca gac gtg gat cac agc agc aag tgc agg gct ctg ggc cag	2304
Leu Gly Ser Asp Val Asp His Ser Ser Lys Cys Arg Ala Leu Gly Gln	
755 760 765	
ctg cag cgc cat gac tgt agc cac cag gag tac tca gaa ggc ccc cag	2352
Leu Gln Arg His Asp Cys Ser His Gln Glu Tyr Ser Glu Gly Pro Gln	
770 775 780	
ccc atg ccc cct cct ggc act ggc ttc aga ttt gct gcc tct tct acc	2400
Pro Met Pro Pro Pro Gly Thr Gly Phe Arg Phe Ala Ala Ser Ser Thr	
785 790 795 800	
cac agt gaa ggg acc ctc ccc act tcc cac tcc cgg aga act gtt cct	2448
His Ser Glu Gly Thr Leu Pro Thr Ser His Ser Arg Arg Thr Val Pro	
805 810 815	
gcc act ccc cag caa cgt tcc cca acc agc cct gag acc tcc tcc tgg	2496
Ala Thr Pro Gln Gln Arg Ser Pro Thr Ser Pro Glu Thr Ser Ser Trp	
820 825 830	

05.10.04

XP_S.ST25.txt

cag tcc cag ggc acc tcc gcc cac caa gcc caa aca gga gct ggg cct	2544
Gln Ser Gln Gly Thr Ser Ala His Gln Ala Gln Thr Gly Ala Gly Pro	
835 840 845	
ctt cct ccc gtg tat tct gca ctc cat cca cat ggg ctt ggg cca cgg	2592
Leu Pro Pro Val Tyr Ser Ala Leu His Pro His Gly Leu Gly Pro Arg	
850 855 860	
gca ggc tcc tct ggc ccc ttc acg gcg ttt cca ggt gtg aca cgg agc	2640
Ala Gly Ser Ser Gly Pro Phe Thr Ala Phe Pro Gly Val Thr Arg Ser	
865 870 875	
tgc ggg gcc tgg cct gca gcc ctg agc cgt atc acc ccc aac cca agg	2688
Cys Gly Ala Trp Pro Ala Ala Leu Ser Arg Ile Thr Pro Asn Pro Arg	
885 890 895	
cac cgg ggc agt gcc cac caa ggc tac cag acg gaa tcc cca cct ggg	2736
His Arg Gly Ser Ala His Gln Gly Tyr Gln Thr Glu Ser Pro Gly	
900 905 910	
ata atg gca gac acc ttc agc ttg tat ggt agc aag tat ttg act tat	2784
Ile Met Ala Asp Thr Phe Ser Leu Tyr Gly Ser Lys Tyr Leu Thr Tyr	
915 920 925	
acc act gaa tta gga aaa cag gtg gca agt gtg ctg tcc tcc agg gca	2832
Ala Thr Glu Leu Gly Lys Gln Val Ala Ser Val Leu Ser Ser Arg Ala	
930 935 940	
ggt gac gcc cct ctg gtc tgg ggc cag tgc cct ccc cgg tgt ggg cag	2880
Gly Asp Ala Pro Leu Val Trp Gly Gln Cys Pro Pro Arg Cys Gly Gln	
945 950 955 960	
cag ccg ggt ggt tct ctc gat agc aca gag agg gct cgg cgg ggc cag	2928
Gln Pro Gly Gly Ser Leu Asp Ser Thr Glu Arg Ala Arg Arg Gly Gln	
965 970 975	
cag aga gaa ctg gtg gag gaa cgc gtc tcc cta cga cgc act tta tta	2976
Gln Arg Glu Leu Val Glu Glu Arg Val Ser Leu Arg Arg Thr Leu Leu	
980 985 990	
act gga cgc ttg ctt cgt gcc agc atg gag gag cac ttt tcg ggg aag	3024
Thr Gly Arg Leu Leu Arg Ala Ser Met Glu Glu His Phe Ser Gly Lys	
995 1000 1005	
cag agg cga gtt cat cgg gaa agg aga gca tta tcg gcg taa	3066
Gln Arg Arg Val His Arg Glu Arg Arg Ala Leu Ser Ala	
1010 1015 1020	

<210> 192
 <211> 1021
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 192

Met Ser Cys Leu Arg Asp Ala Ser Ile Gly Phe Lys Lys Glu Leu Val
 1 5 10 15
 Lys Glu Gln Arg His Leu Asp Arg Gln Ala Phe Ile Phe Thr Phe Gln
 20 25 30
 Thr Ile Val Ile Glu Cys His Val Ile His Ile Tyr Gly Pro Val Thr
 35 40 45

05.10.04

XPs.ST25.txt

Met Thr Gly Gly Asn Asn Lys Asp Asp Asn Glu Asn Lys Gly Gly Ala
50 55 60

Leu Asp Ser Trp Arg Arg Asp Arg Arg Ser Lys Lys Arg Gln Val Ser
65 70 75 80

Gly Leu Lys Val Val Asn Ile Arg Asn Gln Val Cys Arg Glu Gly Leu
85 90 95

Arg Thr Pro Gly Pro Arg Asp Arg Arg Ser Glu Lys Arg Gln Val Ser
100 105 110

Gly Leu Gly Asp Val Asn Ile Pro Asn Gln Val Cys Ser Gln Gly Leu
115 120 125

Arg Thr Pro Asp His Arg Asp Arg Arg Ser Glu Met Gly Gln Val Ser
130 135 140

Gly Leu Lys Asp Val Asn Ile Pro Asn Gln Val Cys Arg Glu Gly Leu
145 150 155 160

Arg Thr Pro Asp Pro Arg Asp Arg Arg Ser Glu Gln Arg His Val Arg
165 170 175

Gly Leu Lys Asp Val Asn Ile Pro Asn Gln Val Cys Arg Glu Gly Leu
180 185 190

Arg Thr Pro Gly Pro Arg Asp Arg Arg Ser Glu Lys Arg Gln Val Ser
195 200 205

Gly Leu Gly Asp Val Asn Ile Pro Asn Gln Val Cys Arg Glu Gly Leu
210 215 220

Arg Thr Pro Gly Pro Arg Asp Arg Ser Ser Glu Lys Arg Gln Ala Pro
225 230 235 240

Gly Ser Arg Asp Thr Arg Ser Glu Lys Arg Glu Val Ser Gly Leu Lys
245 250 255

Asp Val Asn Ile Pro Asn Gln Val Cys Arg Glu Gly Leu Trp Thr Pro
260 265 270

Gly Pro Arg Asp Arg Arg Phe Asn Lys Arg Gln Leu Leu Tyr His Leu
275 280 285

Ser Ser Phe His Leu Ile Val Leu Tyr Phe Leu Val Pro Val Pro Val
290 295 300

Asp Phe Asn Gly Phe Ser Gly Leu Leu Tyr Ser Leu Thr Leu Gln Ser
305 310 315 320

05.10.04

XPs.ST25.txt

His Gln Gly Glu Lys Tyr Gln Val Thr Arg Asn Val Thr Ile Gly Pro
325 330 335

Pro Ala Leu Ala Cys Thr Leu Leu Ala Leu Lys Ala Pro Gly Ile Pro
340 345 350

Leu Arg Gly Ala Val Val Gly His Ser Gly Ala Gly His Arg Glu Arg
355 360 365

Leu Ala Gly Ala Leu Leu Pro Ala Ser Arg Val Gly Ala Gly Pro Gly
370 375 380

Ala Leu Ser Ser His Pro Val His Leu Ser Ala Ser Val Ala Ser Ser
385 390 395 400

Arg Ala Val Pro Asp His Ala Ile Gly His Ser Phe Val Phe Lys Met
405 410 415

Lys Cys Cys Glu Asp His Arg Glu Arg Gly Trp Lys Asp Leu Gly Gln
420 425 430

His Gln Thr Glu Pro Trp Ala Ala Ala Ser Val Cys Trp Gly Ser Val
435 440 445

Val Ser Arg Gln Leu Gly Pro Thr Cys Leu Ser Arg Asn Gly Thr Leu
450 455 460

Glu Asp Lys Ala Ala Trp Ala Asp Val Pro Gly Ala Val Leu Gly Pro
465 470 475 480

Ser Thr Pro Ala Pro Cys Asp Pro His Asn Val Arg Thr Arg Gln Ala
485 490 495

Gln Met Gly Ala Trp Arg Arg Glu Gln Arg Arg Glu Thr Lys Ile Gln
500 505 510

Gly Thr Ala Ala Gly Pro Glu Pro Leu Phe Gln Asp Val Glu Ile Pro
515 520 525

Val Gly Tyr Glu Ala Gly Arg Thr Leu Cys His Phe Tyr Leu Gly Ala
530 535 540

Pro Cys Lys Cys Glu Pro Glu Ala Gly Ala Gln Arg Ala Glu Tyr Leu
545 550 555 560

Thr Arg Val Ala Gln Leu Ala Leu Ala Asp Gln Thr Val Ala Pro Leu
565 570 575

Glu Gln His Thr Glu Ala Val Phe Ser Cys Ala Ala Gln Cys Phe Val
580 585 590

05.10.04

XPs.ST25.txt

Leu Asp Arg Thr Leu Thr His Cys Val Pro Pro Phe Arg Glu Leu Leu
595 600 605

Thr Gly Glu Pro Leu Phe Ala Gly His Cys Met Leu Ser Asn Leu Thr
610 615 620

Trp Leu Val Asn Ala Asn Lys Glu Ser Val Pro Ser Pro Thr Leu Thr
625 630 635 640

Pro Lys Ser His Gln Glu Leu Ser Ala Pro Ser Leu Ser Ile Cys Trp
645 650 655

Leu Ser Pro Glu Asn Ser Arg Asp Gly Glu Glu Pro Gly Leu His Gly
660 665 670

Lys Glu Val Gly Pro Arg Asp Asp Gln Pro Gly Val Asp Asp Thr Ala
675 680 685

Pro Ala Val Ile Gln His Gly Gln Cys Pro Cys Met Leu Leu Trp Ile
690 695 700

Arg Val Lys Ala Thr Gln Ala Asn Gly Thr Asp Met His Leu Cys Arg
705 710 715 720

Lys Thr Ile Pro Lys Glu Lys Ala Asp Gln Gly Ala Glu Gly Arg Lys
725 730 735

Gln Trp Glu Phe Gly Ser Gly Asp Met Thr Gln Glu Asp Val Lys Gly
740 745 750

Leu Gly Ser Asp Val Asp His Ser Ser Lys Cys Arg Ala Leu Gly Gln
755 760 765

Leu Gln Arg His Asp Cys Ser His Gln Glu Tyr Ser Glu Gly Pro Gln
770 775 780

Pro Met Pro Pro Pro Gly Thr Gly Phe Arg Phe Ala Ala Ser Ser Thr
785 790 795 800

His Ser Glu Gly Thr Leu Pro Thr Ser His Ser Arg Arg Thr Val Pro
805 810 815

Ala Thr Pro Gln Gln Arg Ser Pro Thr Ser Pro Glu Thr Ser Ser Trp
820 825 830

Gln Ser Gln Gly Thr Ser Ala His Gln Ala Gln Thr Gly Ala Gly Pro
835 840 845

Leu Pro Pro Val Tyr Ser Ala Leu His Pro His Gly Leu Gly Pro Arg
850 855 860

05.10.04

XPs.ST25.txt

Ala Gly Ser Ser Gly Pro Phe Thr Ala Phe Pro Gly Val Thr Arg Ser
865 870 875 880

Cys Gly Ala Trp Pro Ala Ala Leu Ser Arg Ile Thr Pro Asn Pro Arg
885 890 895

His Arg Gly Ser Ala His Gln Gly Tyr Gln Thr Glu Ser Pro Pro Gly
900 905 910

Ile Met Ala Asp Thr Phe Ser Leu Tyr Gly Ser Lys Tyr Leu Thr Tyr
915 920 925

Ala Thr Glu Leu Gly Lys Gln Val Ala Ser Val Leu Ser Ser Arg Ala
930 935 940

Gly Asp Ala Pro Leu Val Trp Gly Gln Cys Pro Pro Arg Cys Gly Gln
945 950 955 960

Gln Pro Gly Gly Ser Leu Asp Ser Thr Glu Arg Ala Arg Arg Gly Gln
965 970 975

Gln Arg Glu Leu Val Glu Glu Arg Val Ser Leu Arg Arg Thr Leu Leu
980 985 990

Thr Gly Arg Leu Leu Arg Ala Ser Met Glu Glu His Phe Ser Gly Lys
995 1000 1005

Gln Arg Arg Val His Arg Glu Arg Arg Ala Leu Ser Ala
1010 1015 1020

<210> 193
<211> 816
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(816)
<223>

<400> 193
atg acc ttt ctg att tac gag gtg gtg ctg gct gca ctc att tgg gtt 48
Met Thr Phe Leu Ile Tyr Glu Val Val Leu Ala Ala Leu Ile Trp Val
1 5 10 15

ctg tgg gga ggt ggc ttt gag ttc ctc ggg gcc cag tct gca gtg gct 96
Leu Trp Gly Gly Gly Phe Glu Phe Leu Gly Ala Gln Ser Ala Val Ala
20 25 30

att ggg aga aaa ggc ccc acc ttc ctg ggc aga gaa gtg gag ctt cca 144
Ile Gly Arg Lys Gly Pro Thr Phe Leu Gly Arg Glu Val Glu Leu Pro
35 40 45

ctt aaa gag gca gaa gga ggc tgt cag aag agg gaa ggg gaa cca gcg 192
Leu Lys Glu Ala Glu Gly Gly Cys Gln Lys Arg Glu Gly Glu Pro Ala
50 55 60

ctc tcc ttc agc ttt gtc aat cag gat ggt gcg ggc tgc tgc gga ggc 240
Seite 298

08.10.04

XPs.ST25.txt

Leu	Ser	Phe	Ser	Phe	Val	Asn	Gln	Asp	Gly	Ala	Gly	Cys	Cys	Gly	Gly		
65					70				75						80		
agc	gac	att	cag	gaa	gca	aag	cg	tta	gtt	ggg	tcc	tgc	aag	aag	aag		288
Ser	Asp	Ile	Gln	Glu	Ala	Lys	Arg	Leu	Val	Gly	Ser	Cys	Lys	Lys	Lys		
			85						90					95			
aga	aca	aat	tgc	ctc	cct	gag	tcg	gac	cag	ctg	ccc	gtg	gat	cct	acg		336
Arg	Thr	Asn	Cys	Leu	Pro	Glu	Ser	Asp	Gln	Leu	Pro	Val	Asp	Pro	Thr		
			100					105					110				
ctg	cag	tca	cac	cag	act	cct	cat	gtt	gtg	gga	ttg	ggc	ttt	cct	gga		384
Leu	Gln	Ser	His	Gln	Thr	Pro	His	Val	Val	Gly	Leu	Gly	Phe	Pro	Gly		
		115					120					125					
tgg	aag	gac	tcg	gag	aat	tcg	aag	gat	att	aaa	cag	att	cat	aat	gga		432
Trp	Lys	Asp	Ser	Glu	Asn	Ser	Lys	Asp	Ile	Lys	Gln	Ile	His	Asn	Gly		
	130					135					140						
ctc	agc	agt	ata	aac	atg	tct	caa	gtg	cag	aca	gaa	atg	cca	caa	gct		480
Leu	Ser	Ser	Ile	Asn	Met	Ser	Gln	Val	Gln	Thr	Glu	Met	Pro	Gln	Ala		
					150				155						160		
ctt	act	tgg	ttt	aat	gaa	aac	ata	cac	cag	ttg	tgt	ctg	tgt	tcc	cat		528
Pro	Thr	Trp	Phe	Asn	Glu	Asn	Ile	His	Gln	Leu	Cys	Leu	Cys	Ser	His		
				165					170					175			
ttt	aca	aat	aaa	caa	ggt	ggg	gag	atg	gac	tcg	gaa	att	gtc	cct	ggg		576
Phe	Thr	Asn	Lys	Gln	Gly	Gly	Glu	Met	Asp	Ser	Glu	Ile	Val	Pro	Gly		
			180					185					190				
gag	cca	ggg	agc	tcg	gct	cta	atg	ctg	tac	ctg	ggc	ctc	att	gcc	aga		624
Glu	Pro	Gly	Ser	Ser	Ala	Leu	Met	Leu	Tyr	Leu	Gly	Leu	Ile	Ala	Arg		
		195					200					205					
gag	tct	ggt	tta	gat	ggg	tcc	cca	gag	cac	att	aag	cac	tgt	cct	ctg		672
Glu	Ser	Gly	Leu	Asp	Gly	Ser	Pro	Glu	His	Ile	Lys	His	Cys	Pro	Leu		
	210					215					220						
cca	agg	tgc	tca	gac	tgc	agc	tcc	tgt	cat	ggg	gac	aag	gat	atc	ttc		720
Pro	Arg	Cys	Ser	Asp	Cys	Ser	Ser	Cys	His	Gly	Asp	Lys	Asp	Ile	Phe		
					230					235					240		
ttc	ctg	ttc	cag	aga	tgg	gcc	agc	gag	cag	tct	aga	cag	ata	gag	acc		768
Phe	Leu	Phe	Gln	Arg	Trp	Ala	Ser	Glu	Gln	Ser	Arg	Gln	Ile	Glu	Thr		
				245					250					255			
ctc	agt	gct	ggc	cag	ctg	gct	tct	gct	ggc	agg	tcg	gac	ccg	tcg	tga		816
Phe	Ser	Ala	Gly	Gln	Leu	Ala	Ser	Ala	Gly	Arg	Ser	Asp	Pro	Ser			
			260					265					270				

<210> 194
 <211> 271
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 194

Met Thr Phe Leu Ile Tyr Glu Val Val Leu Ala Ala Leu Ile Trp Val
 1 5 10 15

Leu Trp Gly Gly Gly Phe Glu Phe Leu Gly Ala Gln Ser Ala Val Ala
 20 25 30

Ile Gly Arg Lys Gly Pro Thr Phe Leu Gly Arg Glu Val Glu Leu Pro
 Seite 299

05.10.04

XPs.ST25.txt

35

40

45

Leu Lys Glu Ala Glu Gly Gly Cys Gln Lys Arg Glu Gly Glu Pro Ala
50 55 60

Leu Ser Phe Ser Phe Val Asn Gln Asp Gly Ala Gly Cys Cys Gly Gly
65 70 75 80

ser Asp Ile Gln Glu Ala Lys Arg Leu Val Gly Ser Cys Lys Lys Lys
85 90 95

Arg Thr Asn Cys Leu Pro Glu Ser Asp Gln Leu Pro Val Asp Pro Thr
100 105 110

Leu Gln Ser His Gln Thr Pro His Val Val Gly Leu Gly Phe Pro Gly
115 120 125

Pro Lys Asp Ser Glu Asn Ser Lys Asp Ile Lys Gln Ile His Asn Gly
130 135 140

Leu Ser Ser Ile Asn Met Ser Gln Val Gln Thr Glu Met Pro Gln Ala
145 150 155 160

Pro Thr Trp Phe Asn Glu Asn Ile His Gln Leu Cys Leu Cys Ser His
165 170 175

Phe Thr Asn Lys Gln Gly Gly Glu Met Asp Ser Glu Ile Val Pro Gly
180 185 190

Glu Pro Gly Ser Ser Ala Leu Met Leu Tyr Leu Gly Leu Ile Ala Arg
195 200 205

Glu Ser Gly Leu Asp Gly Ser Pro Glu His Ile Lys His Cys Pro Leu
210 215 220

Pro Arg Cys Ser Asp Cys Ser Ser Cys His Gly Asp Lys Asp Ile Phe
225 230 235 240

Phe Leu Phe Gln Arg Trp Ala Ser Glu Gln Ser Arg Gln Ile Glu Thr
245 250 255

Phe Ser Ala Gly Gln Leu Ala Ser Ala Gly Arg Ser Asp Pro Ser
260 265 270

<210> 195
<211> 513
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(513)
<223>

05.10.04

XP.S.T25.txt

```
<400> 195
atg gcg gcg gcc gct ctc gcg aga att cgg ccc gtc ggg ctc caa gcc      48
Met Ala Ala Ala Ala Leu Ala Arg Ile Arg Pro Val Gly Leu Gln Ala
1          5          10          15

cgg cgc ctg gcg tcg gag gga aag act cga gcc gaa agc ccc atc tct      96
Arg Arg Leu Ala Ser Glu Gly Lys Thr Arg Ala Glu Ser Pro Ile Ser
          20          25          30

gac cct agc aac tca tac cct tct ggc ttc cct tta gca aag cgc ctg      144
Asp Pro Ser Asn Ser Tyr Pro Ser Gly Phe Pro Leu Ala Lys Arg Leu
          35          40          45

gac gtc atc ccc tct tca gat acc cca ggc ctc gtc ctg gcc act ggc      192
Asp Val Ile Pro Ser Ser Asp Thr Pro Gly Leu Val Leu Ala Thr Gly
          50          55          60

ttg act att gca gga gag cct gat aag atg gga cac ggc tcc acc ttg      240
Leu Thr Ile Ala Gly Glu Pro Asp Lys Met Gly His Gly Ser Thr Leu
65          70          75          80

cat tca gca agt cgt tat cct gca act acg atg cac cag gaa gag gat      288
His Ser Ala Ser Arg Tyr Pro Ala Thr Thr Met His Gln Glu Glu Asp
          85          90          95

gtg gtg agg cca gct ttt cca tat gca gtt agg cat cga agg gaa gat      336
Val Val Arg Pro Ala Phe Pro Tyr Ala Val Arg His Arg Arg Glu Asp
          100          105          110

ctg ctg tac cta agt ggg gtg ggc att tca ttt tta ggg acc gtc ttt      384
Leu Leu Tyr Leu Ser Gly Val Gly Ile Ser Phe Leu Gly Thr Val Phe
          115          120          125

gtt aaa ata att tgg gac ctc ata aag cct cca gcc att cct gat cag      432
Val Lys Ile Ile Trp Asp Leu Ile Lys Pro Pro Ala Ile Pro Asp Gln
          130          135          140          145

gac ata gct tac aac agc agc ctg gtg ccc ata acc tgg aca gcc tgg      480
Asp Ile Ala Tyr Asn Ser Ser Leu Val Pro Ile Thr Trp Thr Ala Trp
          145          150          155          160

agt gaa gtc aca ctc cca gac ttg atg ttc taa      513
Ser Glu Val Thr Leu Pro Asp Leu Met Phe
          165          170
```

```
<210> 196
<211> 170
<212> PRT
<213> Homo sapiens
```

```
<400> 196
Met Ala Ala Ala Ala Leu Ala Arg Ile Arg Pro Val Gly Leu Gln Ala
1          5          10          15

Arg Arg Leu Ala Ser Glu Gly Lys Thr Arg Ala Glu Ser Pro Ile Ser
          20          25          30

Asp Pro Ser Asn Ser Tyr Pro Ser Gly Phe Pro Leu Ala Lys Arg Leu
          35          40          45

Asp Val Ile Pro Ser Ser Asp Thr Pro Gly Leu Val Leu Ala Thr Gly
          50          55          60
```

05.10.04

XPs.ST25.txt

Leu Thr Ile Ala Gly Glu Pro Asp Lys Met Gly His Gly Ser Thr Leu
65 70 75 80

His Ser Ala Ser Arg Tyr Pro Ala Thr Thr Met His Gln Glu Glu Asp
85 90 95

Val Val Arg Pro Ala Phe Pro Tyr Ala Val Arg His Arg Arg Glu Asp
100 105 110

Leu Leu Tyr Leu Ser Gly Val Gly Ile Ser Phe Leu Gly Thr Val Phe
115 120 125

Val Lys Ile Ile Trp Asp Leu Ile Lys Pro Pro Ala Ile Pro Asp Gln
130 135 140

Asp Ile Ala Tyr Asn Ser Ser Leu Val Pro Ile Thr Trp Thr Ala Trp
145 150 155 160

Ser Glu Val Thr Leu Pro Asp Leu Met Phe
165 170

<210> 197
<211> 508
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (57)..(350)
<223>

<400> 197
tgagccctag atatacttgg cttgcattta ggggccatga tgtttagaga tgaata atg 59
Met
1

ct tac atg ctg gag tca ccc tca gtt tgt caa agt gtt cac act gtg 107
p Tyr Met Leu Glu Ser Pro Ser Val Cys Gln Ser Val His Thr Val
5 10 15

aga ggc tca cag aaa tgg agg ctg act gaa gga aga gca gat tca cat 155
Arg Gly Ser Gln Lys Trp Arg Leu Thr Glu Gly Arg Ala Asp Ser His
20 25 30

ctt tca tcc ctt ctt tat gct cat gct tct aat ttt tgt tcc cat gtt 203
Leu Ser Ser Leu Leu Tyr Ala His Ala Ser Asn Phe Cys Ser His Val
35 40 45

ttc ttg ccc ctc ctc ttc tta gca ttt att ttg tct gtt tct ctt tcc 251
Phe Leu Pro Leu Leu Phe Leu Ala Phe Ile Leu Ser Val Ser Leu Ser
50 55 60 65

cct ctt ctg gct ccc tct cca tct ctc ctg agc aca gaa atg cgg cta 299
Pro Leu Leu Ala Pro Ser Pro Ser Leu Leu Ser Thr Glu Met Arg Leu
70 75 80

ctg tat tta atc cac agt ggc ccc ctc tgg ccc cct ctt tgt gtc tcc 347
Leu Tyr Leu Ile His Ser Gly Pro Leu Trp Pro Pro Leu Cys Val Ser
85 90 95

05.10.04

XPs.ST25.txt

tga gcacaggccc tggccccctc tccatctctc ctgacctcct gatccgcca	400
cctcggccag ttattgctgt tttataagga aaatgttttc tagtaccaca cttgtctccc	460
tggaagggat agaagaagga gggaaggaag tagggaggca gggaagag	508

<210> 198
 <211> 97
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 198

Met	Pro	Tyr	Met	Leu	Glu	Ser	Pro	Ser	Val	Cys	Gln	Ser	Val	His	Thr
1				5					10					15	

Val	Arg	Gly	Ser	Gln	Lys	Trp	Arg	Leu	Thr	Glu	Gly	Arg	Ala	Asp	Ser
			20					25					30		

Val	Leu	Ser	Ser	Leu	Leu	Tyr	Ala	His	Ala	Ser	Asn	Phe	Cys	Ser	His
		35					40					45			

Val	Phe	Leu	Pro	Leu	Leu	Phe	Leu	Ala	Phe	Ile	Leu	Ser	Val	Ser	Leu
	50					55					60				

Ser	Pro	Leu	Leu	Ala	Pro	Ser	Pro	Ser	Leu	Leu	Ser	Thr	Glu	Met	Arg
65					70					75					80

Leu	Leu	Tyr	Leu	Ile	His	Ser	Gly	Pro	Leu	Trp	Pro	Pro	Leu	Cys	Val
				85					90					95	

Ser

<210> 199
 <211> 654
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(654)
 <223>

<400> 199	
atg ggg aga ctt cta ggg aaa aaa gga tgt att gag gct gct tgg aac	48
Met Gly Arg Leu Leu Gly Lys Lys Gly Cys Ile Glu Ala Ala Trp Asn	
1	5 10 15

acg gga tgc acg tgg aag aaa tct gct ttt cct aaa gtg gtc aaa gcc	96
Thr Gly Cys Thr Trp Lys Lys Ser Ala Phe Pro Lys Val Lys Ala	
	20 25 30

gag cca aag tgg gtt tgt cca ggt ttc tcc caa tgt ggc ttc cat ggt	144
Glu Pro Lys Trp Val Cys Pro Gly Phe Ser Gln Cys Gly Phe His Gly	
	35 40 45

cct gcc tca gtg cct ttt gtc acc ctg ggc ccc cct cca tct cca cca	192
Pro Ala Ser Val Pro Phe Val Thr Leu Gly Pro Pro Pro Ser Pro Pro	

05.10.04

XPs.ST25.txt
60

50

55

cct gct tct tgt act cgc ggc ctc ctt gga aga gct caa att cct ccc	240
Pro Ala Ser Cys Thr Arg Gly Leu Leu Gly Arg Ala Gln Ile Pro Pro	
65 70 75 80	
ccg tca cct ttc ctg att ccc cac ctg cct gtg gcc ttt atc tct ggt	288
Pro Ser Pro Phe Leu Ile Pro His Leu Pro Val Ala Phe Ile Ser Gly	
85 90 95	
ctt tta ctg gac aag cag ggc cca gca gca ggt ctt gca gcc agc ttt	336
Leu Leu Leu Asp Lys Gln Gly Pro Ala Ala Gly Leu Ala Ala Ser Phe	
100 105 110	
ggc atc ttc ctg att cca gct ctt cct gta tac tct gct tgg gtt tcc	384
Gly Ile Phe Leu Ile Pro Ala Leu Pro Val Tyr Ser Ala Trp Val Ser	
115 120 125	
cca tgc tgg ttc acc aag gct cag agt gga agg tcg ggc tcc cat aag	432
Pro Cys Trp Phe Thr Lys Ala Gln Ser Gly Arg Ser Gly Ser His Lys	
130 135 140	
tcg gac aga gta aag tcc tgt gaa agt cag aat gga ttc tca gaa aga	480
er Asp Arg Val Lys Ser Cys Glu Ser Gln Asn Gly Phe Ser Glu Arg	
145 150 155 160	
gat gtg tct gga ggg aga agt cct gga cca ata gac tac ttc acc ctg	528
Asp Val Ser Gly Gly Arg Ser Pro Gly Pro Ile Asp Tyr Phe Thr Leu	
165 170 175	
aag cct cct cac gcc aat ggg cag gcc agg gtc acc ccc aaa agt gcc	576
Lys Pro Pro His Ala Asn Gly Gln Ala Arg Val Thr Pro Lys Ser Ala	
180 185 190	
tgc acc agg ggc cct atc agt agc ttc gac atg cat cca cct gct cca	624
Cys Thr Arg Gly Pro Ile Ser Ser Phe Asp Met His Pro Pro Ala Pro	
195 200 205	
gaa gcc aag gat ctg ctt ctg ccg cat tag	654
Glu Ala Lys Asp Leu Leu Leu Pro His	
210 215	

<210> 200
<211> 217
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 200

Met Gly Arg Leu Leu Gly Lys Lys Gly Cys Ile Glu Ala Ala Trp Asn	
1 5 10 15	
Thr Gly Cys Thr Trp Lys Lys Ser Ala Phe Pro Lys Val Val Lys Ala	
20 25 30	
Glu Pro Lys Trp Val Cys Pro Gly Phe Ser Gln Cys Gly Phe His Gly	
35 40 45	
Pro Ala Ser Val Pro Phe Val Thr Leu Gly Pro Pro Pro Ser Pro Pro	
50 55 60	
Pro Ala Ser Cys Thr Arg Gly Leu Leu Gly Arg Ala Gln Ile Pro Pro	
65 70 75 80	

05.10.04

XPs.ST25.txt

Pro Ser Pro Phe Leu Ile Pro His Leu Pro Val Ala Phe Ile Ser Gly
85 90 95

Leu Leu Leu Asp Lys Gln Gly Pro Ala Ala Gly Leu Ala Ala Ser Phe
100 105 110

Gly Ile Phe Leu Ile Pro Ala Leu Pro Val Tyr Ser Ala Trp Val Ser
115 120 125

Pro Cys Trp Phe Thr Lys Ala Gln Ser Gly Arg Ser Gly Ser His Lys
130 135 140

Ser Asp Arg Val Lys Ser Cys Glu Ser Gln Asn Gly Phe Ser Glu Arg
145 150 155 160

Asp Val Ser Gly Gly Arg Ser Pro Gly Pro Ile Asp Tyr Phe Thr Leu
165 170 175

Lys Pro Pro His Ala Asn Gly Gln Ala Arg Val Thr Pro Lys Ser Ala
180 185 190

Cys Thr Arg Gly Pro Ile Ser Ser Phe Asp Met His Pro Pro Ala Pro
195 200 205

Glu Ala Lys Asp Leu Leu Leu Pro His
210 215

<210> 201
<211> 753
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(753)
<223>

<400> 201
atg aag tgg agc gtc cgc ggg gcc tgc gcc gcg ctc tcc tcc tgc ctc 48
Met Lys Trp Ser Val Arg Gly Ala Cys Ala Ala Leu Ser Ser Cys Leu
1 5 10 15

ctg ctc gcc tgc gcg ctc agc gcc gcc gcc gtc ggc ctc aag tgc ttc 96
Leu Leu Ala Cys Ala Leu Ser Ala Ala Val Gly Leu Lys Cys Phe
20 25 30

tcg ttg ggc tcg gag ctg cgc ggg gag ccg ttc cgc ctg ggg gcc gcc 144
Ser Leu Gly Ser Glu Leu Arg Gly Glu Pro Phe Arg Leu Gly Ala Ala
35 40 45

gcc gcc gcc ttc tac tcc ggg ctg ctg ctg gcc gcc gcc ctc tca ctg 192
Ala Gly Ala Phe Tyr Ser Gly Leu Leu Leu Ala Ala Gly Leu Ser Leu
50 55 60

ctc gcc gcc gcc ctg ctc tgc tgc gga ccc cgg gac gcg ccc ctc gcg 240
Leu Gly Ala Ala Leu Leu Cys Cys Gly Pro Arg Asp Ala Pro Leu Ala
65 70 75 80

05.10.04

XPs.ST25.txt

ggc cag aac ctg ctt ctg ctc ggc gtc ctg gtc ttc atg ctc ggg gtc Gly Gln Asn Leu Leu Leu Leu Gly Val Leu Val Phe Met Leu Gly Val 85 90 95	288
ctc agc gca ttc gcg ggc gcc gtg atc gac ggc gac acc gtg tcc ctg Leu Ser Ala Phe Ala Gly Ala Val Ile Asp Gly Asp Thr Val Ser Leu 100 105 110	336
gtg gag cgc aac acc ctg gac agc gcc acg tcc gcc aag tgc cgc cag Val Glu Arg Asn Thr Leu Asp Ser Ala Thr Ser Ala Lys Cys Arg Gln 115 120 125	384
ctg aag gac tac cag cgc ggc ctg gtg ctc tcc acc gtc ttc aac tcg Leu Lys Asp Tyr Gln Arg Gly Leu Val Leu Ser Thr Val Phe Asn Ser 130 135 140	432
ctt gag tgc ctg ctg ggc ctg ctc agc ctc ctg ctc gtc aag aac tac Leu Glu Cys Leu Leu Gly Leu Leu Ser Leu Leu Leu Val Lys Asn Tyr 145 150 155 160	480
aac gag gcc tcc atc ctg tcc ccg gag gag tcc gac ctg gcc gcc ccc sn Glu Ala Ser Ile Leu Ser Pro Glu Glu Ser Asp Leu Ala Ala Pro 165 170 175	528
ggg gac tgc gcg ggc ttc gcg gcg cac cac gcg gtc tcc tac atc aac Gly Asp Cys Ala Gly Phe Ala Ala His His Ala Val Ser Tyr Ile Asn 180 185 190	576
gta ggc gtc ctc cac gcg ctg gac gag gcg ggc gcg gag gtg cgc tgc Val Gly Val Leu His Ala Leu Asp Glu Ala Gly Ala Glu Val Arg Cys 195 200 205	624
ggg ggc cac ccg tcg gtg gag ctg ccg ggc tac gcg ccc tcg gac ccc Gly Gly His Pro Ser Val Glu Leu Pro Gly Tyr Ala Pro Ser Asp Pro 210 215 220	672
gac ctc aac gcc tcc tac ccc tac tgc tgc cgg ccg ccc tgc gag acg Asp Leu Asn Ala Ser Tyr Pro Tyr Cys Cys Arg Pro Pro Cys Glu Thr 225 230 235 240	720
ccg cgg ccc tgg gag acc cat cgg gcc tgc tga Pro Arg Pro Trp Glu Thr His Arg Ala Cys 245 250	753

<10> 202
<11> 250
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 202

Met Lys Trp Ser Val Arg Gly Ala Cys Ala Ala Leu Ser Ser Cys Leu
1 5 10 15

Leu Leu Ala Cys Ala Leu Ser Ala Ala Ala Val Gly Leu Lys Cys Phe
20 25 30

Ser Leu Gly Ser Glu Leu Arg Gly Glu Pro Phe Arg Leu Gly Ala Ala
35 40 45

Ala Gly Ala Phe Tyr Ser Gly Leu Leu Leu Ala Ala Gly Leu Ser Leu
50 55 60

05.10.04

XPs.ST25.txt

Leu Gly Ala Ala Leu Leu Cys Cys Gly Pro Arg Asp Ala Pro Leu Ala
65 70 75 80

Gly Gln Asn Leu Leu Leu Leu Gly Val Leu Val Phe Met Leu Gly Val
85 90 95

Leu Ser Ala Phe Ala Gly Ala Val Ile Asp Gly Asp Thr Val Ser Leu
100 105 110

Val Glu Arg Asn Thr Leu Asp Ser Ala Thr Ser Ala Lys Cys Arg Gln
115 120 125

Leu Lys Asp Tyr Gln Arg Gly Leu Val Leu Ser Thr Val Phe Asn Ser
130 135 140

Leu Glu Cys Leu Leu Gly Leu Leu Ser Leu Leu Val Lys Asn Tyr
145 150 155 160

Asn Glu Ala Ser Ile Leu Ser Pro Glu Glu Ser Asp Leu Ala Ala Pro
165 170 175

Gly Asp Cys Ala Gly Phe Ala Ala His His Ala Val Ser Tyr Ile Asn
180 185 190

Val Gly Val Leu His Ala Leu Asp Glu Ala Gly Ala Glu Val Arg Cys
195 200 205

Gly Gly His Pro Ser Val Glu Leu Pro Gly Tyr Ala Pro Ser Asp Pro
210 215 220

Asp Leu Asn Ala Ser Tyr Pro Tyr Cys Cys Arg Pro Pro Cys Glu Thr
225 230 235 240

Pro Arg Pro Trp Glu Thr His Arg Ala Cys
245 250

<210> 203
<211> 696
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(696)
<223>

<400> 203
atg gaa gaa gaa aaa gca gtt act tac ctt ggg gag aag aag aga gtt
Met Glu Glu Glu Lys Ala Val Thr Tyr Leu Gly Glu Lys Lys Arg Val 48
1 5 10 15

gtg agg agg ctt tca ctg att ttt atc aca cgt tta aaa gtc agc gag 96
Val Arg Arg Leu Ser Leu Ile Phe Ile Thr Arg Leu Lys Val Ser Glu
20 25 30

05.10.04

XPs.ST25.txt

gaa aag gaa cat gga gct gct gta tgt agt gac ttg acc gaa ggc tac Glu Lys Glu His Gly Ala Ala Val Cys Ser Asp Leu Thr Glu Gly Tyr 35 40 45	144
gtg ttt tgt cgc cta aag gta tct ttg aat gtc ctt tgc cat act gtt Val Phe Cys Arg Leu Lys Val Ser Leu Asn Val Leu Cys His Thr Val 50 55 60	192
ata aca att tct cta ctc ctg gca ttc agg att tat gtg gaa gag aaa Ile Thr Ile Ser Leu Leu Leu Ala Phe Arg Ile Tyr Val Glu Glu Lys 65 70 75 80	240
tca gat tca aaa aga atc aag gat cct aga cac atg ttg tcc atg ccc Ser Asp Ser Lys Arg Ile Lys Asp Pro Arg His Met Leu Ser Met Pro 85 90 95	288
ggg cca cca gtg tgc aca cac tat att tac atc agg cat ctc tgc acc Gly Pro Pro Val Cys Thr His Tyr Ile Tyr Ile Arg His Leu Cys Thr 100 105 110	336
agg aga caa gcc caa gag gca gca gcc agg cac cca agg cag caa cac Arg Arg Gln Ala Gln Glu Ala Ala Arg His Pro Arg Gln Gln His 115 120 125	384
gtg aca gag act cag aaa act tgg att ggg gct gag gaa ggg tgg aga Ser Thr Glu Thr Gln Lys Thr Trp Ile Gly Ala Glu Glu Gly Trp Arg 130 135 140	432
aat caa gat ccc cat ttg caa gag gaa ctt aga gcc ctg agc agg ctg Asn Gln Asp Pro His Leu Gln Glu Glu Leu Arg Ala Leu Ser Arg Leu 145 150 155 160	480
ttt ggg gag agg tgc cat gca tgt gac ttg tac aag ggc tgt ctg gat Phe Gly Glu Arg Cys His Ala Cys Asp Leu Tyr Lys Gly Cys Leu Asp 165 170 175	528
gca gct tct gca agg gaa gac cct ttc tcc aga aca aga gag aac cat Ala Ala Ser Ala Arg Glu Asp Pro Phe Ser Arg Thr Arg Glu Asn His 180 185 190	576
tta gtt cac ctt caa gtg acc cag aaa aag tca att tac agc tct cca Leu Val His Leu Gln Val Thr Gln Lys Lys Ser Ile Tyr Ser Ser Pro 195 200 205	624
gtc cag gac tta aca ctg aaa tgt cac aca ctt aaa tca cag gac aag Val Gln Asp Leu Thr Leu Lys Cys His Thr Leu Lys Ser Gln Asp Lys 210 215 220	672
agc att ttc act ctc acg aaa tag Ser Ile Phe Thr Leu Thr Lys 225 230	696
<210> 204	
<211> 231	
<212> PRT	
<213> Homo sapiens	
<400> 204	
Met Glu Glu Glu Lys Ala Val Thr Tyr Leu Gly Glu Lys Lys Arg Val 1 5 10 15	
Val Arg Arg Leu Ser Leu Ile Phe Ile Thr Arg Leu Lys Val Ser Glu 20 25 30	

05.10.04

XPs.ST25.txt

Glu Lys Glu His Gly Ala Ala Val Cys Ser Asp Leu Thr Glu Gly Tyr
35 40 45

Val Phe Cys Arg Leu Lys Val Ser Leu Asn Val Leu Cys His Thr Val
50 55 60

Ile Thr Ile Ser Leu Leu Ala Phe Arg Ile Tyr Val Glu Glu Lys
65 70 75 80

Ser Asp Ser Lys Arg Ile Lys Asp Pro Arg His Met Leu Ser Met Pro
85 90 95

Gly Pro Pro Val Cys Thr His Tyr Ile Tyr Ile Arg His Leu Cys Thr
100 105 110

Arg Arg Gln Ala Gln Glu Ala Ala Arg His Pro Arg Gln Gln His
115 120 125

Ser Thr Glu Thr Gln Lys Thr Trp Ile Gly Ala Glu Glu Gly Trp Arg
130 135 140

Asn Gln Asp Pro His Leu Gln Glu Glu Leu Arg Ala Leu Ser Arg Leu
145 150 155 160

Phe Gly Glu Arg Cys His Ala Cys Asp Leu Tyr Lys Gly Cys Leu Asp
165 170 175

Ala Ala Ser Ala Arg Glu Asp Pro Phe Ser Arg Thr Arg Glu Asn His
180 185 190

Leu Val His Leu Gln Val Thr Gln Lys Lys Ser Ile Tyr Ser Ser Pro
195 200 205

Val Gln Asp Leu Thr Leu Lys Cys His Thr Leu Lys Ser Gln Asp Lys
210 215 220

Ser Ile Phe Thr Leu Thr Lys
225 230

<210> 205
<211> 1041
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1041)
<223>

<400> 205
atg gca aat aca aag cac tca cat ttt gct gat tca gaa gta aat gaa 48
Met Ala Asn Thr Lys His Ser His Phe Ala Asp Ser Glu Val Asn Glu
1 5 10 15

aca ttc aag acc tgc aca aaa acc ctg acc aaa agg aag tct cag aca 96
Seite 309

05.10.04

XPs.ST25.txt

Thr	Phe	Lys	Thr	Cys	Thr	Lys	Thr	Leu	Thr	Lys	Arg	Lys	Ser	Gln	Thr	
			20					25					30			
ggg	cac	aca	gaa	cct	gaa	cct	cag	tac	cag	gtg	ttc	cct	aca	tct	cct	144
Gly	His	Thr	Glu	Pro	Glu	Pro	Gln	Tyr	Gln	Val	Phe	Pro	Thr	Ser	Pro	
		35					40					45				
tct	gct	ggc	aga	gaa	cat	cta	ttt	gat	gcc	aaa	tgt	gtg	gct	aga	act	192
Ser	Ala	Gly	Arg	Glu	His	Leu	Phe	Asp	Ala	Lys	Cys	Val	Ala	Arg	Thr	
	50					55					60					
ggg	cca	ggt	gct	tta	cat	gtc	ata	gat	caa	tac	caa	aca	act	agt	gaa	240
Gly	Pro	Gly	Ala	Leu	His	Val	Ile	Asp	Gln	Tyr	Gln	Thr	Thr	Ser	Glu	
65					70					75					80	
atc	agc	aca	aat	tca	acc	aat	gaa	gct	ctt	aaa	aca	ata	aga	cct	ata	288
Ile	Ser	Thr	Asn	Ser	Thr	Asn	Glu	Ala	Leu	Lys	Thr	Ile	Arg	Pro	Ile	
				85					90					95		
tta	aaa	atg	caa	gcc	aaa	tat	cga	tta	tta	tca	tta	cca	ggt	tct	aac	336
Leu	Lys	Met	Gln	Ala	Lys	Tyr	Arg	Leu	Leu	Ser	Leu	Pro	Val	Ser	Asn	
			100					105					110			
cc	cct	gag	cat	ttt	gac	ccg	gca	ggg	acc	atg	ctt	tgt	tca	cct	ctg	384
Thr	Pro	Glu	His	Phe	Asp	Pro	Ala	Gly	Thr	Met	Leu	Cys	Ser	Pro	Leu	
		115					120					125				
ttt	cta	tta	tac	ttc	cta	agg	aat	gga	cac	tta	aaa	ctt	ccc	gaa	ctg	432
Phe	Leu	Leu	Tyr	Phe	Leu	Arg	Asn	Gly	His	Leu	Lys	Leu	Pro	Glu	Leu	
	130					135					140					
atc	aaa	ata	aat	gtg	aga	gga	cag	tgc	cta	gca	tct	aac	agg	ctc	ctt	480
Ile	Lys	Ile	Asn	Val	Arg	Gly	Gln	Cys	Leu	Ala	Ser	Asn	Arg	Leu	Leu	
145					150					155					160	
ggt	ggt	tgc	ggt	cta	agt	gga	cat	gta	cag	aga	gag	gca	agg	agg	tat	528
Gly	Gly	Cys	Gly	Leu	Ser	Gly	His	Val	Gln	Arg	Glu	Ala	Arg	Arg	Tyr	
				165					170					175		
cag	gca	ttt	ctg	cca	aag	cta	ggt	gag	gta	tta	acc	act	gag	aag	ata	576
Gln	Ala	Phe	Leu	Pro	Lys	Leu	Gly	Glu	Val	Leu	Thr	Thr	Glu	Lys	Ile	
			180					185					190			
ata	gga	ata	gat	gag	caa	gtt	atc	cag	atg	gta	caa	gat	ggc	agc	tca	624
Ile	Gly	Ile	Asp	Glu	Gln	Val	Ile	Gln	Met	Val	Gln	Asp	Gly	Ser	Ser	
		195					200					205				
a	cct	gac	tcc	aac	ccc	tac	cat	tct	aca	gaa	agc	act	aca	aaa	acc	672
Lys	Pro	Asp	Ser	Asn	Pro	Tyr	His	Ser	Thr	Glu	Ser	Thr	Thr	Lys	Thr	
	210					215						220				
cta	aaa	tct	aaa	tcc	aac	tcc	cat	ttc	tcc	tta	gtc	aac	acc	ctc	tct	720
Leu	Lys	Ser	Lys	Ser	Asn	Ser	His	Phe	Ser	Leu	Val	Asn	Thr	Leu	Ser	
225					230					235					240	
aga	aca	tta	caa	att	att	cac	cgt	ttg	atc	atc	aca	att	ttc	tac	ttc	768
Arg	Thr	Leu	Gln	Ile	Ile	His	Arg	Leu	Ile	Ile	Thr	Ile	Phe	Tyr	Phe	
				245					250					255		
cta	ggc	tct	gtc	att	gcc	atc	aga	att	ttg	gct	tcg	aga	aat	tcc	ttc	816
Leu	Gly	Ser	Val	Ile	Ala	Ile	Arg	Ile	Leu	Ala	Ser	Arg	Asn	Ser	Phe	
			260					265					270			
ttg	gct	gta	cta	cca	gtc	ttg	gtt	cct	ctg	aat	cct	ggc	tgc	ttt	ggc	864
Leu	Ala	Val	Leu	Pro	Val	Leu	Val	Pro	Leu	Asn	Pro	Gly	Cys	Phe	Gly	
		275					280					285				
aga	ccc	aaa	ctt	cta	tgc	ttg	tct	ctt	cag	cct	tat	gag	atc	acc	aaa	912

05.10.04

XPs.ST25.txt

```

Arg Pro Lys Leu Leu Cys Leu Ser Leu Gln Pro Tyr Glu Ile Thr Lys
290                               300
aat tat gtt gcc cac aag atg aaa ggt ggc agc tat aga gta gcc ttc      960
Asn Tyr Val Ala His Lys Met Lys Gly Gly Ser Tyr Arg Val Ala Phe
305                               315
aaa atc ata ggc tat gcc gaa gca gga tct tct ctc caa cgc tgt aca      1008
Lys Ile Ile Gly Tyr Ala Glu Ala Gly Ser Ser Leu Gln Arg Cys Thr
                               325 330 335
gac aac gca gct gtc cct gac atc acc act tga      1041
Asp Asn Ala Val Pro Asp Ile Thr Thr
                               340 345

```

<210> 206
 <211> 346
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 206

```

Met Ala Asn Thr Lys His Ser His Phe Ala Asp Ser Glu Val Asn Glu
5                               10 15
Thr Phe Lys Thr Cys Thr Lys Thr Leu Thr Lys Arg Lys Ser Gln Thr
20                               25 30
Gly His Thr Glu Pro Glu Pro Gln Tyr Gln Val Phe Pro Thr Ser Pro
35                               40 45
Ser Ala Gly Arg Glu His Leu Phe Asp Ala Lys Cys Val Ala Arg Thr
50                               55 60
Gly Pro Gly Ala Leu His Val Ile Asp Gln Tyr Gln Thr Thr Ser Glu
65                               70 75 80
Ile Ser Thr Asn Ser Thr Asn Glu Ala Leu Lys Thr Ile Arg Pro Ile
85                               90 95
Met Lys Met Gln Ala Lys Tyr Arg Leu Leu Ser Leu Pro Val Ser Asn
100                               105 110
Thr Pro Glu His Phe Asp Pro Ala Gly Thr Met Leu Cys Ser Pro Leu
115                               120 125
Phe Leu Leu Tyr Phe Leu Arg Asn Gly His Leu Lys Leu Pro Glu Leu
130                               135 140
Ile Lys Ile Asn Val Arg Gly Gln Cys Leu Ala Ser Asn Arg Leu Leu
145                               150 155 160
Gly Gly Cys Gly Leu Ser Gly His Val Gln Arg Glu Ala Arg Arg Tyr
165                               170 175
Gln Ala Phe Leu Pro Lys Leu Gly Glu Val Leu Thr Thr Glu Lys Ile

```

05.10.04

XPs.ST25.txt
185

180

190

Ile Gly Ile Asp Glu Gln Val Ile Gln Met Val Gln Asp Gly Ser Ser
195 200 205

Lys Pro Asp Ser Asn Pro Tyr His Ser Thr Glu Ser Thr Thr Lys Thr
210 215 220

Leu Lys Ser Lys Ser Asn Ser His Phe Ser Leu Val Asn Thr Leu Ser
225 230 235 240

Arg Thr Leu Gln Ile Ile His Arg Leu Ile Ile Thr Ile Phe Tyr Phe
245 250 255

Leu Gly Ser Val Ile Ala Ile Arg Ile Leu Ala Ser Arg Asn Ser Phe
260 265 270

Leu Ala Val Leu Pro Val Leu Val Pro Leu Asn Pro Gly Cys Phe Gly
275 280 285

Arg Pro Lys Leu Leu Cys Leu Ser Leu Gln Pro Tyr Glu Ile Thr Lys
290 295 300

Asn Tyr Val Ala His Lys Met Lys Gly Gly Ser Tyr Arg Val Ala Phe
305 310 315 320

Lys Ile Ile Gly Tyr Ala Glu Ala Gly Ser Ser Leu Gln Arg Cys Thr
325 330 335

Asp Asn Ala Ala Val Pro Asp Ile Thr Thr
340 345

<210> 207
<211> 732
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(732)
<223>

<400> 207
atg gtg ctc gat tcc aca atg aac aca aga aat ata caa atg att ctt 48
Met Val Leu Asp Ser Thr Met Asn Thr Arg Asn Ile Gln Met Ile Leu
1 5 10 15

gac ttc atg aag ctc atc gtc tgc atg gca aca gct atg ctg ctg gcc 96
Asp Phe Met Lys Leu Ile Val Cys Met Ala Thr Ala Met Leu Leu Ala
20 25 30

gtg tct gac aaa gaa aca aag tca cat tgt tca aag caa aca act cca 144
Val Ser Asp Lys Glu Thr Lys Ser His Cys Ser Lys Thr Thr Pro
35 40 45

gta tca gtt gga aca aat aga caa tca cac tcc cag acc tca atc tcc 192
Val Ser Val Gly Thr Asn Arg Gln Ser His Ser Gln Thr Ser Ile Ser
Seite 312

05.10.04

XPs.ST25.txt
60

50

55

aag ccc agc tgg act aag cag agt gaa aag gct caa ggc cac aag gca 240
Lys Pro Ser Trp Thr Lys Gln Ser Glu Lys Ala Gln Gly His Lys Ala
65 70 75 80

gca aaa cac acc ttt atc tgc ttt caa aag gcc tct gtc aag cac agt 288
Ala Lys His Thr Phe Ile Cys Phe Gln Lys Ala Ser Val Lys His Ser
85 90 95

ttt tat gtg gat ttc ccc cca ccc ccg act gtt act agt atc ctt tta 336
Phe Tyr Val Asp Phe Pro Pro Pro Pro Thr Val Thr Ser Ile Leu Leu
100 105 110

gaa cct gaa aat agc ctg tct ttc ctt act gat ggg ttc tgt tcc agg 384
Glu Pro Glu Asn Ser Leu Ser Phe Leu Thr Asp Gly Phe Cys Ser Arg
115 120 125

gct tct cag cct ggg ctg gat cct gga cag aca ggc cca ggc agg ctg 432
Ala Ser Gln Pro Gly Leu Asp Pro Gly Gln Thr Gly Pro Gly Arg Leu
130 135 140

tgc act gtg acc tgg ggc ctt gct gtg aac aaa gag gac ttc aag agg 480
Lys Thr Val Thr Trp Gly Leu Ala Val Asn Lys Glu Asp Phe Lys Arg
145 150 155 160

aga tgg cct gga gga gtt cgc ctt tgt ggt cat ttt gct tca ggc cct 528
Arg Trp Pro Gly Gly Val Arg Leu Cys Gly His Phe Ala Ser Gly Pro
165 170 175

ttc ttc gct ggg atg gtg gat ggc tcg gtg aga cat cag aga gca act 576
Phe Phe Ala Gly Met Val Asp Gly Ser Val Arg His Gln Arg Ala Thr
180 185 190

gct cag ctc tca cac ttg acg gtg gaa tca tca aat gct tta gcg atg 624
Ala Gln Leu Ser His Leu Thr Val Glu Ser Ser Asn Ala Leu Ala Met
195 200 205

cca tcg gcc aaa atg ggg aaa tcg agg caa tca gag acg tac gtg act 672
Pro Ser Ala Lys Met Gly Lys Ser Arg Gln Ser Glu Thr Tyr Val Thr
210 215 220

tgt tca aca tct cca ggc tcc cca ttc atc cag cgg ctt gag aag cca 720
Cys Ser Thr Ser Pro Gly Ser Pro Phe Ile Gln Arg Leu Glu Lys Pro
225 230 235 240

ttt ggc tag 732
Phe Gly

<210> 208
<211> 243
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 208

Met Val Leu Asp Ser Thr Met Asn Thr Arg Asn Ile Gln Met Ile Leu
1 5 10 15

Asp Phe Met Lys Leu Ile Val Cys Met Ala Thr Ala Met Leu Leu Ala
20 25 30

Val Ser Asp Lys Glu Thr Lys Ser His Cys Ser Lys Gln Thr Thr Pro
35 40 45

05.10.04

XP.s.ST25.txt

Val Ser Val Gly Thr Asn Arg Gln Ser His Ser Gln Thr Ser Ile Ser
50 55 60

Lys Pro Ser Trp Thr Lys Gln Ser Glu Lys Ala Gln Gly His Lys Ala
65 70 75 80

Ala Lys His Thr Phe Ile Cys Phe Gln Lys Ala Ser Val Lys His Ser
85 90 95

Phe Tyr Val Asp Phe Pro Pro Pro Pro Thr Val Thr Ser Ile Leu Leu
100 105 110

Glu Pro Glu Asn Ser Leu Ser Phe Leu Thr Asp Gly Phe Cys Ser Arg
115 120 125

Ala Ser Gln Pro Gly Leu Asp Pro Gly Gln Thr Gly Pro Gly Arg Leu
130 135 140

Cys Thr Val Thr Trp Gly Leu Ala Val Asn Lys Glu Asp Phe Lys Arg
145 150 155 160

Arg Trp Pro Gly Gly Val Arg Leu Cys Gly His Phe Ala Ser Gly Pro
165 170 175

Phe Phe Ala Gly Met Val Asp Gly Ser Val Arg His Gln Arg Ala Thr
180 185 190

Ala Gln Leu Ser His Leu Thr Val Glu Ser Ser Asn Ala Leu Ala Met
195 200 205

Pro Ser Ala Lys Met Gly Lys Ser Arg Gln Ser Glu Thr Tyr Val Thr
210 215 220

Ser Thr Ser Pro Gly Ser Pro Phe Ile Gln Arg Leu Glu Lys Pro
230 235 240

Ala Phe Gly

<210> 209
<211> 3339
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(3339)
<223>

<400> 209
atg gtt aat cac ata gct ggt gat tat gcc atg caa gga aaa gcc act
Met Val Asn His Ile Ala Gly Asp Tyr Ala Met Gln Gly Lys Ala Thr
1 5 10 15

48

05.10.04

XPs.ST25.txt

aaa atg agc gta ttc cca agg aca aat tta aaa gca cta atg cag ttt Lys Met Ser Val Phe Pro Arg Thr Asn Leu Lys Ala Leu Met Gln Phe 20 25 30	96
tat cta ttt gaa gtg gcc tgc tct gtc atc gac att cat gga gct ctc Tyr Leu Phe Glu Val Ala Cys Ser Val Ile Asp Ile His Gly Ala Leu 35 40 45	144
aga ccc agc tct agt att ctc agg cac att gat aga ttg gga ctt tca Arg Pro Ser Ser Ser Ile Leu Arg His Ile Asp Arg Leu Gly Leu Ser 50 55 60	192
agt ttg gga ata aga gag gtg gga agc tgt gtt tct ctc cat aac agg Ser Leu Gly Ile Arg Glu Val Gly Ser Cys Val Ser Leu His Asn Arg 65 70 75 80	240
gaa aaa tgt gaa gct tat gaa gcc acc tgg ggt caa tgg gca agg agc Glu Lys Cys Glu Ala Tyr Glu Ala Thr Trp Gly Gln Trp Ala Arg Ser 85 90 95	288
agg aca cag tgg gaa atg acc tgg att gga cgg cag ggc tct ggc att Arg Thr Gln Trp Glu Met Thr Trp Ile Gly Arg Gln Gly Ser Gly Ile 100 105 110	336
gca act cca act aac agc ctg tgc atc ttt gca cag ctg ttt ctt aga Ala Thr Pro Thr Asn Ser Leu Cys Ile Phe Ala Gln Leu Phe Leu Arg 115 120 125	384
atc ttc atc tat gct ctg aga gat gaa tta ggc aaa cct gca ggg ata Ile Phe Ile Tyr Ala Leu Arg Asp Glu Leu Gly Lys Pro Ala Gly Ile 130 135 140	432
gca ggc acc gcc tta agc ctt cta att cga gca gaa tta ggc cag ccg Ala Gly Thr Ala Leu Ser Leu Leu Ile Arg Ala Glu Leu Gly Gln Pro 145 150 155 160	480
gga act ctg cta gga gat gat cag atc tac aat gtt att gtt acc gcc Gly Thr Leu Leu Gly Asp Asp Gln Ile Tyr Asn Val Ile Val Thr Ala 165 170 175	528
ctc aca tcc gtt ata atc ttt ttt atg gta ata cca atc atg att ggg Leu Thr Ser Val Ile Ile Phe Phe Met Val Ile Pro Ile Met Ile Gly 180 185 190	576
agt ttc ggc aac tgg cta gtc cct ctg ctt gtc aaa agg ttt ttc cct Ile Phe Gly Asn Trp Leu Val Pro Leu Leu Val Lys Arg Phe Phe Pro 195 200 205	624
ggg gtc atg gaa caa gaa cct gat tca gtg acc ttc ttg tcc ttc acc Gly Val Met Glu Gln Glu Pro Asp Ser Val Thr Phe Leu Ser Phe Thr 210 215 220	672
ttt ctc cag tgt ggg tct ctc act agt cca ctg cgt ccc cca tgc act Phe Leu Gln Cys Gly Ser Leu Thr Ser Pro Leu Arg Pro Pro Cys Thr 225 230 235 240	720
acg gaa ctt gca tca gag cat ccc tta cca gat gta agc ttg ttc tgg Thr Glu Leu Ala Ser Glu His Pro Leu Pro Asp Val Ser Leu Phe Trp 245 250 255	768
gca cca gac atc ttt cat acg ctg gaa ggt tcc cgg gag aac tct gga Ala Pro Asp Ile Phe His Thr Leu Glu Gly Ser Arg Glu Asn Ser Gly 260 265 270	816
gcc aat tac atc atc gtg ctc cca gga gtg ttg caa cat aaa ctt cca Ala Asn Tyr Ile Ile Val Leu Pro Gly Val Leu Gln His Lys Leu Pro 275 280 285	864

05.10.04

XPs.ST25.txt

ttt	aca	aat	gag	gcc	aca	gag	tca	cca	aga	gga	tcc	aac	agg	gaa	aag	912
Phe	Thr	Asn	Glu	Ala	Thr	Glu	Ser	Pro	Arg	Gly	Ser	Asn	Arg	Glu	Lys	
	290					295					300					
aaa	caa	gga	aca	caa	tgg	att	gtt	cta	gtc	atg	gtg	gtg	gtt	aat	aag	960
Lys	Gln	Gly	Thr	Gln	Trp	Ile	Val	Leu	Val	Met	Val	Val	Val	Asn	Lys	
305					310					315					320	
gat	gat	gat	agt	ggt	act	aag	cat	aac	atc	cag	tgt	tta	atg	ctc	aag	1008
Asp	Asp	Asp	Ser	Gly	Thr	Lys	His	Asn	Ile	Gln	Cys	Leu	Met	Leu	Lys	
				325					330					335		
gtt	ctc	ttt	cac	ctg	ctt	ttc	gaa	att	cca	gtg	ctg	gag	aaa	aaa	tgt	1056
Val	Leu	Phe	His	Leu	Leu	Phe	Glu	Ile	Pro	Val	Leu	Glu	Lys	Lys	Cys	
			340					345					350			
gaa	agc	ctc	tat	atg	ttt	gtc	aaa	att	atg	gtg	caa	aaa	tgt	aaa	gat	1104
Glu	Ser	Leu	Tyr	Met	Phe	Val	Lys	Ile	Met	Val	Gln	Lys	Cys	Lys	Asp	
		355					360					365				
gta	aac	aag	atg	gaa	acc	gaa	att	cga	caa	ttg	gca	gca	ata	tca	gcc	1152
Val	Asn	Lys	Met	Glu	Thr	Glu	Ile	Arg	Gln	Leu	Ala	Ala	Ile	Ser	Ala	
	370					375					380					
acc	tct	gta	ata	aat	ata	aca	ggg	cgt	tct	tta	ata	att	gaa	tgg	ggt	1200
Thr	Ser	Val	Ile	Asn	Ile	Thr	Gly	Arg	Ser	Leu	Ile	Ile	Glu	Trp	Gly	
385					390					395					400	
gtc	tgg	gat	tcg	gta	atg	aaa	aag	ctc	ctg	tat	gag	agt	gcc	agt	gga	1248
Val	Trp	Asp	Ser	Val	Met	Lys	Lys	Leu	Leu	Tyr	Glu	Ser	Ala	Ser	Gly	
				405					410					415		
gct	ctg	gac	tgg	ctg	gag	gtg	gtg	cct	gct	caa	cac	tgg	ctt	cat	gca	1296
Ala	Leu	Asp	Trp	Leu	Glu	Val	Val	Pro	Ala	Gln	His	Trp	Leu	His	Ala	
			420					425					430			
gta	gag	ttt	gga	ggc	tct	cag	gca	ggt	atg	gtt	gca	cag	tct	cca	tat	1344
Val	Glu	Phe	Gly	Gly	Ser	Gln	Ala	Gly	Met	Val	Ala	Gln	Ser	Pro	Tyr	
		435					440					445				
gca	caa	agc	tat	aag	aca	tct	cac	cag	tca	tca	gca	ggg	gag	ctg	gtg	1392
Ala	Gln	Ser	Tyr	Lys	Thr	Ser	His	Gln	Ser	Ser	Ala	Gly	Glu	Leu	Val	
	450					455					460					
acc	cta	gcg	gcc	agg	gcg	gcc	atg	gag	aag	gca	ggc	ctg	gct	cca	ggc	1440
Ala	Leu	Ala	Ala	Arg	Ala	Ala	Met	Glu	Lys	Ala	Gly	Leu	Ala	Pro	Gly	
					470					475					480	
agc	aca	gag	aga	ctg	gag	agg	ccc	cgt	ggg	gag	cct	ggc	agg	atc	tgg	1488
Ser	Thr	Glu	Arg	Leu	Glu	Arg	Pro	Arg	Gly	Glu	Pro	Gly	Arg	Ile	Trp	
				485					490					495		
atg	gcc	ctg	tgt	ttg	gct	tcc	agc	aag	ctc	tgc	ccc	tgt	gac	cca	gag	1536
Met	Ala	Leu	Cys	Leu	Ala	Ser	Ser	Lys	Leu	Cys	Pro	Cys	Asp	Pro	Glu	
			500					505					510			
gac	agg	gcc	ggc	caa	gac	agg	gcc	act	gag	tat	caa	gcc	agc	gcc	cag	1584
Asp	Arg	Ala	Gly	Gln	Asp	Arg	Ala	Thr	Glu	Tyr	Gln	Ala	Ser	Ala	Gln	
		515					520					525				
gcc	agg	cag	ctt	gtg	tgg	cac	ccc	ttg	tcc	tct	ccc	aca	cta	caa	ggg	1632
Ala	Arg	Gln	Leu	Val	Trp	His	Pro	Leu	Ser	Ser	Pro	Thr	Leu	Gln	Gly	
	530					535					540					
cga	ccc	tct	tgg	gtt	cct	gca	ggc	tat	ggc	ctc	cga	gcc	gcc	tgt	tgg	1680
Arg	Pro	Ser	Trp	Val	Pro	Ala	Gly	Tyr	Gly	Leu	Arg	Ala	Ala	Cys	Trp	
545					550				555						560	

05.10.04

XP5.ST25.txt

gaa ctc ccg gag gct gcc gca ccc agg gtc cct gag gac cct cct cct Glu Leu Pro Glu Ala Ala Pro Arg Val Pro Glu Asp Pro Pro Pro 565 570 575	1728
ggc tgc aag gtc gcc cac cca ctg cct tca cca ctt gag cag gtc gca Gly Cys Lys Val Ala His Pro Leu Pro Ser Pro Leu Glu Gln Val Ala 580 585 590	1776
gcc agg ctt ctg aag gag aca gag ggg agg gcc aaa gaa gag ccc aga Ala Arg Leu Leu Lys Glu Thr Glu Gly Arg Ala Lys Glu Glu Pro Arg 595 600 605	1824
aca gtg acg cag atg cat cac gga gag acc cag gag gat gac aag Thr Val Thr Gln Met His His Gly Glu Thr Gln Glu Gln Asp Asp Lys 610 615 620	1872
aaa agg gcc cct gta gcc aga agg aag tgt cat cca cat cca ggg ccc Lys Arg Ala Pro Val Ala Arg Arg Lys Cys His Pro His Pro Gly Pro 625 630 640	1920
tgg aga ccc agg gag gcc tca cct cct ttg ggt gca ggc cca ggc ctc Trp Arg Pro Arg Glu Ala Ser Pro Pro Leu Gly Ala Gly Pro Gly Leu 645 650 655	1968
tgc agg gaa atg tcc acc cct act tgt cgg aaa aac tct tta cag aga Cys Arg Glu Met Ser Thr Pro Thr Cys Arg Lys Asn Ser Leu Gln Arg 660 665 670	2016
gaa ggc cca gtc aac cat cag gcc atc aac aag gac gcc act tcc cct Glu Gly Pro Val Asn His Gln Ala Ile Asn Lys Asp Ala Thr Ser Pro 675 680 685	2064
cct aag gct gtt act ttc aga act tcc tca acc tcc agg atg aga gct Pro Lys Ala Val Thr Phe Arg Thr Ser Ser Thr Ser Arg Met Arg Ala 690 695 700	2112
ctc cca att tct caa gta gat agc cat gca cag cag ggg ctc cct gcc Leu Pro Ile Ser Gln Val Asp Ser His Ala Gln Gln Gly Leu Pro Ala 705 710 715 720	2160
cca ccc ctc agc cca aat ttg gag ccc ctg att tgg cca acc caa act Pro Pro Leu Ser Pro Asn Leu Glu Pro Leu Ile Trp Pro Thr Gln Thr 725 730 735	2208
cca gca ccc ccc agc ctg ccc ctg cta cct ccc cac ctg cag aga ctt Ala Ala Pro Pro Ser Leu Pro Leu Leu Pro Pro His Leu Gln Arg Leu 740 745 750	2256
cat act ccc tgt gcc tgg cca cct gca ctt ccc agc tgt cat ctc cca His Thr Pro Cys Ala Trp Pro Pro Ala Leu Pro Ser Cys His Leu Pro 755 760 765	2304
gtc tgc cac tat ctc atg gaa gaa gtg cac tgt gcc tta cct ggg gct Val Cys His Tyr Leu Met Glu Glu Val His Cys Ala Leu Pro Gly Ala 770 775 780	2352
cct tgg ttc tgg gta ttc aca acc aac cca gtg gca aca tta ctt cag Pro Trp Phe Trp Val Phe Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Leu Leu Gln 785 790 795 800	2400
ccc atg tct cca cca gtt tgc ctg cag tca gtc acg gga tgc atg gca Pro Met Ser Pro Pro Val Cys Leu Gln Ser Val Thr Gly Ser Met Ala 805 810 815	2448
act tct cca cat gct ccc agc cac cca gtg agt ggc agc atc atg gca Thr Ser Pro His Ala Pro Ser His Pro Val Ser Gly Ser Ile Met Ala 820 825 830	2496

05.10.04

XP5.ST25.txt

gca gat ctc act ggt gtg aca tca cca tat tcc aca ttt ggc ctg cct Ala Asp Leu Thr Gly Val Thr Ser Pro Tyr Ser Thr Phe Gly Leu Pro 835 840 845	2544
gtc aat gtg cag cca cgt atg ctt aac aac tca agt gct ttc ctg att Val Asn Val Gln Pro Arg Met Leu Asn Asn Ser Ser Ala Phe Leu Ile 850 855 860	2592
act aca gcc aag tct tct gta ttt aaa gtt gcc act agc atg cct ggc Thr Thr Ala Lys Ser Ser Val Phe Lys Val Ala Thr Ser Met Pro Gly 865 870 875 880	2640
agt ggc gac agt act gca ttg gtt ggc aat tct act cta gtc cca ctg Ser Gly Asp Ser Thr Ala Leu Val Gly Asn Ser Thr Leu Val Pro Leu 885 890 895	2688
ggg att atg aga cct gga acc cct aca gat tgt gag aac ata ggg gtt Gly Ile Met Arg Pro Gly Thr Pro Thr Asp Cys Glu Asn Ile Gly Val 900 905 910	2736
agc atg tct gcc tca ggc ccc agt tca aca tca gga aca ttg aaa gct Ser Met Ser Ala Ser Gly Pro Ser Thr Ser Gly Thr Leu Lys Ala 915 920 925	2784
gta cca gga tgg agg aga aca acc aac acc agt ctg ttc ccc cat tta Val Pro Gly Trp Arg Arg Thr Thr Asn Thr Ser Leu Phe Pro His Leu 930 935 940	2832
gtc agt cca tgg ttg gcc cat ctg gac aca ggt ggt gca tct aca atg Val Ser Pro Trp Leu Ala His Leu Asp Thr Gly Gly Ala Ser Thr Met 945 950 955 960	2880
aat gcc acc ata gct ata atg aga ggc ctt cat gtg ccg gca tgg cag Asn Ala Thr Ile Ala Ile Met Arg Gly Leu His Val Pro Ala Trp Gln 965 970 975	2928
cca aac acc caa ggc cac ctg cac aat gaa caa atg aag aga ggg tct Pro Asn Thr Gln Gly His Leu His Asn Glu Gln Met Lys Arg Gly Ser 980 985 990	2976
ctg ggg aag gaa aga cct ctt gct gcc agg tgt cta ggc att tat tcc Leu Gly Lys Glu Arg Pro Leu Ala Ala Arg Cys Leu Gly Ile Tyr Ser 995 1000 1005	3024
cg gat gaa cat ggg gaa aag tgg cgg tca ttg tat tgg ttt cag Asp Glu His Gly Glu Lys Trp Arg Ser Leu Tyr Trp Phe Gln 1010 1015 1020	3069
aaa tcc ctt aaa acc aaa gct tca gtt ccc cag aac aga gtt aat Lys Ser Leu Lys Thr Lys Ala Ser Val Pro Gln Asn Arg Val Asn 1025 1030 1035	3114
ggc tgt gtg tca ggc tct cca ctg tgt ctg ccg tca caa gtt ttc Gly Cys Val Ser Gly Ser Pro Leu Cys Leu Pro Ser Gln Val Phe 1040 1045 1050	3159
act gga gta aca gtt cct gat aga tta caa cct gaa gga gct tat Thr Gly Val Thr Val Pro Asp Arg Leu Gln Pro Glu Gly Ala Tyr 1055 1060 1065	3204
gta ata act gtg gat aag aga tgg ggt ggt aag gag tgg tta aaa Val Ile Thr Val Asp Lys Arg Trp Gly Gly Lys Glu Trp Leu Lys 1070 1075 1080	3249
ggg aag tca aaa att gga gaa gta gaa aaa tgt gac aat gtt gga Gly Lys Ser Lys Ile Gly Glu Val Glu Lys Cys Asp Asn Val Gly 1085 1090 1095	3294

08.10.04

XPSt25.txt

gag gaa aag gag gaa gaa acc ttg gga tta gga aat tct tca tag
Glu Glu Lys Glu Glu Glu Thr Leu Gly Leu Gly Asn Ser Ser
1100 1105 1110

3339

<210> 210
<211> 1112
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 210

Met Val Asn His Ile Ala Gly Asp Tyr Ala Met Gln Gly Lys Ala Thr
1 5 10 15

Lys Met Ser Val Phe Pro Arg Thr Asn Leu Lys Ala Leu Met Gln Phe
20 25 30

Tyr Leu Phe Glu Val Ala Cys Ser Val Ile Asp Ile His Gly Ala Leu
35 40 45

Arg Pro Ser Ser Ser Ile Leu Arg His Ile Asp Arg Leu Gly Leu Ser
50 55 60

Ser Leu Gly Ile Arg Glu Val Gly Ser Cys Val Ser Leu His Asn Arg
65 70 75 80

Glu Lys Cys Glu Ala Tyr Glu Ala Thr Trp Gly Gln Trp Ala Arg Ser
85 90 95

Arg Thr Gln Trp Glu Met Thr Trp Ile Gly Arg Gln Gly Ser Gly Ile
100 105 110

Ala Thr Pro Thr Asn Ser Leu Cys Ile Phe Ala Gln Leu Phe Leu Arg
115 120 125

Ile Phe Ile Tyr Ala Leu Arg Asp Glu Leu Gly Lys Pro Ala Gly Ile
130 135 140

Ala Gly Thr Ala Leu Ser Leu Leu Ile Arg Ala Glu Leu Gly Gln Pro
145 150 155 160

Gly Thr Leu Leu Gly Asp Asp Gln Ile Tyr Asn Val Ile Val Thr Ala
165 170 175

Leu Thr Ser Val Ile Ile Phe Phe Met Val Ile Pro Ile Met Ile Gly
180 185 190

Gly Phe Gly Asn Trp Leu Val Pro Leu Leu Val Lys Arg Phe Phe Pro
195 200 205

Gly Val Met Glu Gln Glu Pro Asp Ser Val Thr Phe Leu Ser Phe Thr
210 215 220

05.10.04

XPs.ST25.txt

Phe Leu Gln Cys Gly Ser Leu Thr Ser Pro Leu Arg Pro Pro Cys Thr
225 230 235 240

Thr Glu Leu Ala Ser Glu His Pro Leu Pro Asp Val Ser Leu Phe Trp
245 250 255

Ala Pro Asp Ile Phe His Thr Leu Glu Gly Ser Arg Glu Asn Ser Gly
260 265 270

Ala Asn Tyr Ile Ile Val Leu Pro Gly Val Leu Gln His Lys Leu Pro
275 280 285

Phe Thr Asn Glu Ala Thr Glu Ser Pro Arg Gly Ser Asn Arg Glu Lys
290 295 300

Lys Gln Gly Thr Gln Trp Ile Val Leu Val Met Val Val Val Asn Lys
305 310 315 320

Asp Asp Asp Ser Gly Thr Lys His Asn Ile Gln Cys Leu Met Leu Lys
325 330 335

Val Leu Phe His Leu Leu Phe Glu Ile Pro Val Leu Glu Lys Lys Cys
340 345 350

Glu Ser Leu Tyr Met Phe Val Lys Ile Met Val Gln Lys Cys Lys Asp
355 360 365

Val Asn Lys Met Glu Thr Glu Ile Arg Gln Leu Ala Ala Ile Ser Ala
370 375 380

Thr Ser Val Ile Asn Ile Thr Gly Arg Ser Leu Ile Ile Glu Trp Gly
385 390 395 400

Val Trp Asp Ser Val Met Lys Lys Leu Leu Tyr Glu Ser Ala Ser Gly
405 410 415

Ala Leu Asp Trp Leu Glu Val Val Pro Ala Gln His Trp Leu His Ala
420 425 430

Val Glu Phe Gly Gly Ser Gln Ala Gly Met Val Ala Gln Ser Pro Tyr
435 440 445

Ala Gln Ser Tyr Lys Thr Ser His Gln Ser Ser Ala Gly Glu Leu Val
450 455 460

Ala Leu Ala Ala Arg Ala Ala Met Glu Lys Ala Gly Leu Ala Pro Gly
465 470 475 480

Ser Thr Glu Arg Leu Glu Arg Pro Arg Gly Glu Pro Gly Arg Ile Trp
485 490 495

08.10.04

XP5.ST25.txt

Met Ala Leu Cys₅₀₀ Leu Ala Ser Ser Lys₅₀₅ Leu Cys Pro Cys Asp₅₁₀ Pro Glu

Asp Arg Ala₅₁₅ Gly Gln Asp Arg Ala₅₂₀ Thr Glu Tyr Gln Ala₅₂₅ Ser Ala Gln

Ala Arg Gln Leu Val Trp His₅₃₅ Pro Leu Ser Ser Pro₅₄₀ Thr Leu Gln Gly

Arg Pro Ser Trp Val Pro₅₅₀ Ala Gly Tyr Gly Leu₅₅₅ Arg Ala Ala Cys Trp₅₆₀

Glu Leu Pro Glu Ala₅₆₅ Ala Ala Pro Arg Val₅₇₀ Pro Glu Asp Pro Pro₅₇₅

Gly Cys Lys Val₅₈₀ Ala His Pro Leu Pro₅₈₅ Ser Pro Leu Glu Gln Val Ala₅₉₀

Ala Arg Leu₅₉₅ Leu Lys Glu Thr Glu₆₀₀ Gly Arg Ala Lys Glu₆₀₅ Glu Pro Arg

Thr Val₆₁₀ Thr Gln Met His His₆₁₅ Gly Glu Thr Gln Glu₆₂₀ Gln Asp Asp Lys

Lys Arg Ala Pro Val Ala₆₃₀ Arg Arg Lys Cys His₆₃₅ Pro His Pro Gly Pro₆₄₀

Trp Arg Pro Arg Glu₆₄₅ Ala Ser Pro Pro Leu₆₅₀ Gly Ala Gly Pro Gly₆₅₅ Leu

Cys Arg Glu Met₆₆₀ Ser Thr Pro Thr Cys₆₆₅ Arg Lys Asn Ser Leu Gln Arg₆₇₀

Glu Gly Pro Val₆₇₅ Asn His Gln Ala₆₈₀ Ile Asn Lys Asp Ala₆₈₅ Thr Ser Pro

Pro Lys Ala Val Thr Phe Arg₆₉₅ Thr Ser Ser Thr Ser₇₀₀ Arg Met Arg Ala

Leu Pro Ile Ser Gln Val₇₁₀ Asp Ser His Ala Gln₇₁₅ Gln Gly Leu Pro Ala₇₂₀

Pro Pro Leu Ser Pro₇₂₅ Asn Leu Glu Pro Leu₇₃₀ Ile Trp Pro Thr Gln₇₃₅ Thr

Ala Ala Pro Pro₇₄₀ Ser Leu Pro Leu Leu₇₄₅ Pro Pro His Leu Gln₇₅₀ Arg Leu

His Thr Pro₇₅₅ Cys Ala Trp Pro Pro₇₆₀ Ala Leu Pro Ser Cys₇₆₅ His Leu Pro

05.10.04

XP.s.ST25.txt

Val Cys His Tyr Leu Met Glu Glu Val His Cys Ala Leu Pro Gly Ala
770 775 780

Pro Trp Phe Trp Val Phe Thr Thr Asn Pro Val Ala Thr Leu Leu Gln
785 790 795 800

Pro Met Ser Pro Pro Val Cys Leu Gln Ser Val Thr Gly Ser Met Ala
805 810 815

Thr Ser Pro His Ala Pro Ser His Pro Val Ser Gly Ser Ile Met Ala
820 825 830

Ala Asp Leu Thr Gly Val Thr Ser Pro Tyr Ser Thr Phe Gly Leu Pro
835 840 845

Val Asn Val Gln Pro Arg Met Leu Asn Asn Ser Ser Ala Phe Leu Ile
850 855 860

Thr Thr Ala Lys Ser Ser Val Phe Lys Val Ala Thr Ser Met Pro Gly
865 870 875 880

Ser Gly Asp Ser Thr Ala Leu Val Gly Asn Ser Thr Leu Val Pro Leu
885 890 895

Gly Ile Met Arg Pro Gly Thr Pro Thr Asp Cys Glu Asn Ile Gly Val
900 905 910

Ser Met Ser Ala Ser Gly Pro Ser Ser Thr Ser Gly Thr Leu Lys Ala
915 920 925

Val Pro Gly Trp Arg Arg Thr Thr Asn Thr Ser Leu Phe Pro His Leu
930 935 940

Ser Pro Trp Leu Ala His Leu Asp Thr Gly Gly Ala Ser Thr Met
950 955 960

Asn Ala Thr Ile Ala Ile Met Arg Gly Leu His Val Pro Ala Trp Gln
965 970 975

Pro Asn Thr Gln Gly His Leu His Asn Glu Gln Met Lys Arg Gly Ser
980 985 990

Leu Gly Lys Glu Arg Pro Leu Ala Ala Arg Cys Leu Gly Ile Tyr Ser
995 1000 1005

Pro Asp Glu His Gly Glu Lys Trp Arg Ser Leu Tyr Trp Phe Gln
1010 1015 1020

Lys Ser Leu Lys Thr Lys Ala Ser Val Pro Gln Asn Arg Val Asn
1025 1030 1035

05.10.04

XPs.ST25.txt

Gly Cys Val Ser Gly Ser Pro Leu Cys Leu Pro Ser Gln Val Phe
1040 1045 1050

Thr Gly Val Thr Val Pro Asp Arg Leu Gln Pro Glu Gly Ala Tyr
1055 1060 1065

Val Ile Thr Val Asp Lys Arg Trp Gly Gly Lys Glu Trp Leu Lys
1070 1075 1080

Gly Lys Ser Lys Ile Gly Glu Val Glu Lys Cys Asp Asn Val Gly
1085 1090 1095

Glu Glu Lys Glu Glu Glu Thr Leu Gly Leu Gly Asn Ser Ser
1100 1105 1110

<210> 211
<211> 1317
<12> DNA
<13> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1317)
<223>

<400> 211
atg gac ctt gag tgc ttg ggt tat gtc tgt aca ctg ccc act gat tct 48
Met Asp Leu Glu Cys Leu Gly Tyr Val Thr Leu Pro Thr Asp Ser
1 5 10
cct gag aga gcc cct cca cac ccc tcc cct gga cca cca ttg atg ccc 96
Pro Glu Arg Ala Pro Pro His Pro Ser Pro Gly Pro Pro Leu Met Pro
20 25 30
aac cgc tgc cag tgt gtc cgg agt caa gtc tta cct gtt cca ctc act 144
Asn Arg Cys Gln Cys Val Arg Ser Gln Val Leu Pro Val Pro Leu Thr
35 40 45
cac aga gag aga cct gag acc aca cag ctg acg tgg tgg gcc cgc gac 192
As Arg Glu Arg Pro Glu Thr Thr Gln Leu Thr Trp Trp Ala Arg Asp
50 55 60
cca gcg ctg gtg gac tcc aaa gga aaa gaa cct tgt aaa tat gat ggc 240
Pro Ala Leu Val Asp Ser Lys Gly Lys Glu Pro Cys Lys Tyr Asp Gly
65 70 75 80
ata ccc cct aaa aca cag gat tct gtt tat tat gcc aaa gaa gaa aag 288
Ile Pro Pro Lys Thr Gln Asp Ser Val Tyr Tyr Ala Lys Glu Glu Lys
85 90 95
aag aaa aca ttg gca gaa cct tta gtc caa agg ggt gca gaa ggt gac 336
Lys Lys Thr Leu Ala Glu Pro Leu Val Gln Arg Gly Ala Glu Gly Asp
100 105 110
gtg tat aaa gca ccg act cct agc aag gaa acc caa ggg gcg ctg gac 384
Val Tyr Lys Ala Pro Thr Pro Ser Lys Glu Thr Gln Gly Ala Leu Asp
115 120 125
gtc aaa gag gag cac aat gtg cag ctg gag gtg cct gtg gac cag aga 432
Val Lys Glu Glu His Asn Val Gln Leu Glu Val Pro Val Asp Gln Arg
130 135 140

08.10.04

XPs.ST25.txt

caa gct gag ata gtt aaa gaa gat gaa gag ata cat gag aac acc cct Gln Ala Glu Ile Val Lys Glu Asp Glu Glu Ile His Glu Asn Thr Pro 145 150 155 160	480
gat ttt gag ggc aac aag gat aaa gaa gat gca agg ctt tgt gaa gac Asp Phe Glu Gly Asn Lys Asp Lys Glu Asp Ala Arg Leu Cys Glu Asp 165 170 175	528
gtt gaa aga aag aat gaa aac agt cac ttt caa caa cag tat cgc atc Val Glu Arg Lys Asn Glu Asn Ser His Phe Gln Gln Gln Tyr Arg Ile 180 185 190	576
cca gca gga ctc act gaa gga gga gtt cct caa gct ctt gct aat atc Pro Ala Gly Leu Thr Glu Gly Gly Val Pro Gln Ala Leu Ala Asn Ile 195 200 205	624
ctt gag tac cag gtt gtg gac aga ggt att gca gag cag ggc gag agc Leu Glu Tyr Gln Val Val Asp Arg Gly Ile Ala Glu Gln Gly Glu Ser 210 215 220	672
agg tct gtg ccg ctt cct ggc tct gtg acc tat gta cgt aac ctg tcc Arg Ser Val Pro Leu Pro Gly Ser Val Thr Tyr Val Arg Asn Leu Ser 225 230 235 240	720
agg gcc gtg gcc ttc ctc att ctt ctg caa gga tgc tca gct gct tac Gln Ala Val Ala Phe Leu Ile Leu Leu Gln Gly Cys Ser Ala Ala Tyr 245 250 255	768
aca ggc atc tgc tgc ctt gag cag aaa ggc tgt ggt ttt tgg cag ctg Thr Gly Ile Cys Cys Leu Glu Gln Lys Gly Cys Gly Phe Trp Gln Leu 260 265 270	816
cag cag ggg tgg ctg gtg gat aaa acc tct gct ttt gat ggc tgt tat Gln Gln Gly Trp Leu Val Asp Lys Thr Ser Ala Phe Asp Gly Cys Tyr 275 280 285	864
cag tta ttg aca cat aat gtg aaa tta agt cag tgt cag ctt ctg aag Gln Leu Leu Thr His Asn Val Lys Leu Ser Gln Cys Gln Leu Leu Lys 290 295 300	912
ctt gcc gct cta agt ctt agc ttc tgt tgt gga atg gaa gtg gct gcc Leu Ala Ala Leu Ser Leu Ser Phe Cys Cys Gly Met Glu Val Ala Ala 305 310 315 320	960
ctc tgt gaa gaa gcc gtc agg gca tct gaa ttt gct gaa ttg gca gag Glu Cys Glu Glu Ala Val Arg Ala Ser Glu Phe Ala Glu Leu Ala Glu 325 330 335	1008
aag ccc gtg gac ttc gca ata cct gaa atc aag gca gaa ttg tcg gag Lys Pro Val Asp Phe Ala Ile Pro Glu Ile Lys Ala Glu Leu Ser Glu 340 345 350	1056
aag atg ttc aat ggg gca gat ctg tgg aaa agt ttt att gca ttt att Lys Met Phe Asn Gly Ala Asp Leu Trp Lys Ser Phe Ile Ala Phe Ile 355 360 365	1104
tat att ata ttc gtg tgg att tgt gtg ttt tat ctt gcg agt gtt gat Tyr Ile Ile Phe Val Trp Ile Cys Val Phe Tyr Leu Ala Ser Val Asp 370 375 380	1152
cca cac cca gag cgg cca cct gag acg ccg gag tcc ccc aca cag ctg Pro His Pro Glu Arg Pro Pro Glu Thr Pro Glu Ser Pro Thr Gln Leu 385 390 395 400	1200
tcc tca gga cag cca cac cga gag cag cca cct gag atg ccg gag tcc Ser Ser Gly Gln Pro His Arg Glu Gln Pro Pro Glu Met Pro Glu Ser 405 410 415	1248

05.10.04

XPs.ST25.txt

ccc acg cag ccg tcc tca gga cag tca tgc caa gag cag cca cct gag 1296
Pro Thr Gln Pro Ser Ser Gly Gln Ser Cys Gln Glu Gln Pro Pro Glu
420 425 430

acg cca gag ttg ccc atg tag 1317
Thr Pro Glu Leu Pro Met
435

<210> 212
<211> 438
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 212

Met Asp Leu Glu Cys Leu Gly Tyr Val Cys Thr Leu Pro Thr Asp Ser
1 5 10 15

Pro Glu Arg Ala Pro Pro His Pro Ser Pro Gly Pro Pro Leu Met Pro
20 25 30

Asn Arg Cys Gln Cys Val Arg Ser Gln Val Leu Pro Val Pro Leu Thr
35 40 45

His Arg Glu Arg Pro Glu Thr Thr Gln Leu Thr Trp Trp Ala Arg Asp
50 55 60

Pro Ala Leu Val Asp Ser Lys Gly Lys Glu Pro Cys Lys Tyr Asp Gly
65 70 75 80

Ile Pro Pro Lys Thr Gln Asp Ser Val Tyr Tyr Ala Lys Glu Glu Lys
85 90 95

Lys Lys Thr Leu Ala Glu Pro Leu Val Gln Arg Gly Ala Glu Gly Asp
100 105 110

Tyr Lys Ala Pro Thr Pro Ser Lys Glu Thr Gln Gly Ala Leu Asp
115 120 125

Val Lys Glu Glu His Asn Val Gln Leu Glu Val Pro Val Asp Gln Arg
130 135 140

Gln Ala Glu Ile Val Lys Glu Asp Glu Glu Ile His Glu Asn Thr Pro
145 150 155 160

Asp Phe Glu Gly Asn Lys Asp Lys Glu Asp Ala Arg Leu Cys Glu Asp
165 170 175

Val Glu Arg Lys Asn Glu Asn Ser His Phe Gln Gln Gln Tyr Arg Ile
180 185 190

Pro Ala Gly Leu Thr Glu Gly Gly Val Pro Gln Ala Leu Ala Asn Ile
195 200 205

05.10.04

XPS.ST25.txt

Leu Glu Tyr Gln Val Val Asp Arg Gly Ile Ala Glu Gln Gly Glu Ser
210 215 220

Arg Ser Val Pro Leu Pro Gly Ser Val Thr Tyr Val Arg Asn Leu Ser
225 230 235 240

Gln Ala Val Ala Phe Leu Ile Leu Leu Gln Gly Cys Ser Ala Ala Tyr
245 250 255

Thr Gly Ile Cys Cys Leu Glu Gln Lys Gly Cys Gly Phe Trp Gln Leu
260 265 270

Gln Gln Gly Trp Leu Val Asp Lys Thr Ser Ala Phe Asp Gly Cys Tyr
275 280 285

Gln Leu Leu Thr His Asn Val Lys Leu Ser Gln Cys Gln Leu Leu Lys
290 295 300

Leu Ala Ala Leu Ser Leu Ser Phe Cys Cys Gly Met Glu Val Ala Ala
305 310 315 320

Leu Cys Glu Glu Ala Val Arg Ala Ser Glu Phe Ala Glu Leu Ala Glu
325 330 335

Lys Pro Val Asp Phe Ala Ile Pro Glu Ile Lys Ala Glu Leu Ser Glu
340 345 350

Lys Met Phe Asn Gly Ala Asp Leu Trp Lys Ser Phe Ile Ala Phe Ile
355 360 365

Tyr Ile Ile Phe Val Trp Ile Cys Val Phe Tyr Leu Ala Ser Val Asp
370 375 380

His Pro Glu Arg Pro Pro Glu Thr Pro Glu Ser Pro Thr Gln Leu
390 395 400

Ser Ser Gly Gln Pro His Arg Glu Gln Pro Pro Glu Met Pro Glu Ser
405 410 415

Pro Thr Gln Pro Ser Ser Gly Gln Ser Cys Gln Glu Gln Pro Pro Glu
420 425 430

Thr Pro Glu Leu Pro Met
435

<210> 213
<211> 945
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(945)

09.10.04

XPs.ST25.txt

<223>

<400> 213

atg gaa aga caa aat caa agc tgt gtg gtt gaa ttc atc ctc ttg ggc	48
Met Glu Arg Gln Asn Gln Ser Cys Val Val Glu Phe Ile Leu Leu Gly	
1 5 10 15	
ttt tct aac tat cct gag ctc cag ggg cag ctc ttt gtg gct ttc ctg	96
Phe Ser Asn Tyr Pro Glu Leu Gln Gly Gln Leu Phe Val Ala Phe Leu	
20 25 30	
gtt att tat ctg gtg acc ctg ata gga aat gcc att att ata gtc atc	144
Val Ile Tyr Leu Val Thr Leu Ile Gly Asn Ala Ile Ile Ile Val Ile	
35 40 45	
gtc tcc cta gac cag agc ctc cac gtt ccc atg tac ctg ttt ctc ctg	192
Val Ser Leu Asp Gln Ser Leu His Val Pro Met Tyr Leu Phe Leu Leu	
50 55 60	
aac tta tct gtg gtg gac ctg agt ttc agt gca gtt att atg cct gaa	240
Asn Leu Ser Val Val Asp Leu Ser Phe Ser Ala Val Ile Met Pro Gly	
65 70 75 80	
g ctg gtg gtc ctc tct act gaa aaa act aca att tct ttt ggg ggc	288
Leu Val Val Leu Ser Thr Glu Lys Thr Thr Ile Ser Phe Gly Gly	
85 90 95	
tgt ttt gca cag atg tat ttc atc ctt ctt ttt ggt ggg gct gaa tgt	336
Cys Phe Ala Gln Met Tyr Phe Ile Leu Leu Phe Gly Gly Ala Glu Cys	
100 105 110	
ttt ctt ctg gga gca atg gct tat gac cga ttt gct gca att tgc cat	384
Phe Leu Leu Gly Ala Met Ala Tyr Asp Arg Phe Ala Ala Ile Cys His	
115 120 125	
cct ctc aac tac caa atg att atg aat aaa gga gtt ttt atg aaa tta	432
Pro Leu Asn Tyr Gln Met Ile Met Asn Lys Gly Val Phe Met Lys Leu	
130 135 140	
att ata ttt tca tgg gcc tta ggt ttt atg tta ggt act gtt caa aca	480
Ile Ile Phe Ser Trp Ala Leu Gly Phe Met Leu Gly Thr Val Gln Thr	
145 150 155 160	
tca tgg gta tct agt ttt ccc ttt tgt ggc ctt aat gaa att aac cat	528
Ser Trp Val Ser Ser Phe Pro Phe Cys Gly Leu Asn Glu Ile Asn His	
165 170 175	
tct tgt gaa acc cca gca gtg tta gaa ctt gca tgt gca gac acg	576
Ile Ser Cys Glu Thr Pro Ala Val Leu Glu Leu Ala Cys Ala Asp Thr	
180 185 190	
ttt ttg ttt gaa atc tat gca ttc aca ggc acc ttt ttg att att ttg	624
Phe Leu Phe Glu Ile Tyr Ala Phe Thr Gly Thr Phe Leu Ile Ile Leu	
195 200 205	
gtt cct ttc ttg ttg ata ctc ttg tct tac att cga gtt ctg ttt gcc	672
Val Pro Phe Leu Leu Ile Leu Leu Ser Tyr Ile Arg Val Leu Phe Ala	
210 215 220	
atc ctg aag atg cca tca acc act ggg aga caa aag gcc ttt tcc acc	720
Ile Leu Lys Met Pro Ser Thr Thr Gly Arg Gln Lys Ala Phe Ser Thr	
225 230 235 240	
tgt gcc gct cac ctc aca tct gtg acc cta ttc tat ggc aca gcc agt	768
Cys Ala Ala His Leu Thr Ser Val Thr Leu Phe Tyr Gly Thr Ala Ser	
245 250 255	
atg act tat tta caa ccc aaa tct ggc tac tca ccg gaa acc aag aaa	816

05.10.04

XPs.ST25.txt
Met Thr Tyr Leu Gln Pro Lys Ser Gly Tyr Ser Pro Glu Thr Lys Lys
260 265 270

gtg atg tca ttg tct tac tca ctt ctg aca cca ctg ctg aat ctg ctt 864
Val Met Ser Leu Ser Tyr Ser Leu Leu Thr Pro Leu Leu Asn Leu Leu
275 280 285

atc tac agt ttg cga aat agt gag atg aag agg gct ttg atg aaa tta 912
Ile Tyr Ser Leu Arg Asn Ser Glu Met Lys Arg Ala Leu Met Lys Leu
290 295 300

tgg cga agg cga gtg gtt tta cac aca atc tga 945
Trp Arg Arg Arg Val Val Leu His Thr Ile
305 310

<210> 214
<211> 314
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 214

t Glu Arg Gln Asn Gln Ser Cys Val Val Glu Phe Ile Leu Leu Gly
5 10 15

Phe Ser Asn Tyr Pro Glu Leu Gln Gly Gln Leu Phe Val Ala Phe Leu
20 25 30

Val Ile Tyr Leu Val Thr Leu Ile Gly Asn Ala Ile Ile Ile Val Ile
35 40 45

Val Ser Leu Asp Gln Ser Leu His Val Pro Met Tyr Leu Phe Leu Leu
50 55 60

Asn Leu Ser Val Val Asp Leu Ser Phe Ser Ala Val Ile Met Pro Glu
65 70 75 80

Met Leu Val Val Leu Ser Thr Glu Lys Thr Thr Ile Ser Phe Gly Gly
85 90 95

Phe Ala Gln Met Tyr Phe Ile Leu Leu Phe Gly Gly Ala Glu Cys
100 105 110

Phe Leu Leu Gly Ala Met Ala Tyr Asp Arg Phe Ala Ala Ile Cys His
115 120 125

Pro Leu Asn Tyr Gln Met Ile Met Asn Lys Gly Val Phe Met Lys Leu
130 135 140

Ile Ile Phe Ser Trp Ala Leu Gly Phe Met Leu Gly Thr Val Gln Thr
145 150 155 160

Ser Trp Val Ser Ser Phe Pro Phe Cys Gly Leu Asn Glu Ile Asn His
165 170 175

Ile Ser Cys Glu Thr Pro Ala Val Leu Glu Leu Ala Cys Ala Asp Thr
seite 328

08.10.04

XP.S.T25.txt

180

185

190

Phe Leu Phe Glu Ile Tyr Ala Phe Thr Gly Thr Phe Leu Ile Ile Leu
195 200 205

Val Pro Phe Leu Leu Ile Leu Leu Ser Tyr Ile Arg Val Leu Phe Ala
210 215 220

Ile Leu Lys Met Pro Ser Thr Thr Gly Arg Gln Lys Ala Phe Ser Thr
225 230 235 240

Cys Ala Ala His Leu Thr Ser Val Thr Leu Phe Tyr Gly Thr Ala Ser
245 250 255

Met Thr Tyr Leu Gln Pro Lys Ser Gly Tyr Ser Pro Glu Thr Lys Lys
260 265 270

Met Ser Leu Ser Tyr Ser Leu Leu Thr Pro Leu Leu Asn Leu Leu
275 280 285

Ile Tyr Ser Leu Arg Asn Ser Glu Met Lys Arg Ala Leu Met Lys Leu
290 295 300

Trp Arg Arg Arg Val Val Leu His Thr Ile
305 310

<210> 215
<211> 372
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(372)
<223>

400> 215
gtg ctg agg aac ctg ctc agc atc ctg gct gtc agc tct gtc tct 48
Val Leu Arg Asn Leu Leu Ser Ile Leu Ala Val Ser Ser Val Ser 15

ccc ctc cac acc ccc gtg tac ttc ttc ctc tct aaa ctg tgc tgg gct 96
Pro Leu His Thr Pro Val Tyr Phe Phe Leu Ser Lys Leu Cys Trp Ala 20 25 30

gac atc ggt ttc acc ttg gcc acg gtt ccc aag atg gtt gtg gac atg 144
Asp Ile Gly Phe Thr Leu Ala Thr Val Pro Lys Met Val Val Asp Met 35 40 45

cag tcg cat agc aga gtc atc tct cat gcg ggc tgt ctg acg cag atg 192
Gln Ser His Ser Arg Val Ile Ser His Ala Gly Cys Leu Thr Gln Met 50 55 60

tct ttc ttc atc ctt ttt gca tgt ata gaa ggc atg ctc ctg aca gtg 240
Ser Phe Phe Ile Leu Phe Ala Cys Ile Glu Gly Met Leu Leu Thr Val 65 70 75 80

atg gcc tat gac tgc ttt gta gcc atc tgt cgc cct ctg cac tac cca 288
Met Ala Tyr Asp Cys Phe Val Ala Ile Cys Arg Pro Leu His Tyr Pro
seite 329

05.10.04

XPs.ST25.txt
90

85

95

gtc atc gtg aat cct cac ctc tgt gtc tcc ttc ctt ttg gtg tcc ttt 336
Val Ile Val Asn Pro His Leu Cys Val Ser Phe Leu Leu Val Ser Phe
100 105 110

ttc ctt agc atg ttg gat tcc cag ctg cac agt tga 372
Phe Leu Ser Met Leu Asp Ser Gln Leu His Ser
115 120

<210> 216
<211> 123
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 216

Met Val Leu Arg Asn Leu Leu Ser Ile Leu Ala Val Ser Ser Val Ser
1 5 10 15

Pro Leu His Thr Pro Val Tyr Phe Phe Leu Ser Lys Leu Cys Trp Ala
20 25 30

Asp Ile Gly Phe Thr Leu Ala Thr Val Pro Lys Met Val Val Asp Met
35 40 45

Gln Ser His Ser Arg Val Ile Ser His Ala Gly Cys Leu Thr Gln Met
50 55 60

Ser Phe Phe Ile Leu Phe Ala Cys Ile Glu Gly Met Leu Leu Thr Val
65 70 75 80

Met Ala Tyr Asp Cys Phe Val Ala Ile Cys Arg Pro Leu His Tyr Pro
85 90 95

Val Ile Val Asn Pro His Leu Cys Val Ser Phe Leu Leu Val Ser Phe
100 105 110

Leu Ser Met Leu Asp Ser Gln Leu His Ser
115 120

<210> 217
<211> 2856
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(2856)
<223>

<400> 217
atg gcc aaa aga aat ctc agc act gtg aca gag ttc att ctt gta gtc 48
Met Ala Lys Arg Asn Leu Ser Thr Val Thr Glu Phe Ile Leu Val Val
1 5 10 15

ttc aca gat cac cct gaa ctg gca gtt cca ctc ttc cta gtg ttt ctc 96
Phe Thr Asp His Pro Glu Leu Ala Val Pro Leu Phe Leu Val Phe Leu
20 25 30



XPs.ST25.txt

agt ttc tat ctt gtc act ttt ctg ggg aat ggg ggg atg atc att cta Ser Phe Tyr Leu Val Thr Phe Leu Gly Asn Gly Gly Met Ile Ile Leu 35 40 45	144
atc caa gtg gat gcc caa ctc cac acc ccc gtg tac ttc ttc ctg agc Ile Gln Val Asp Ala Gln Leu His Thr Pro Val Tyr Phe Phe Leu Ser 50 55 60	192
cac ctt gct ttc ctg gat gcc tgc tgt gcc tca gta atc acc cct cag His Leu Ala Phe Leu Asp Ala Cys Cys Ala Ser Val Ile Thr Pro Gln 65 70 75 80	240
att ctg gcc aca ctg gcc aca gac aag aca gtt atc tcc tat ggc tgc Ile Leu Ala Thr Leu Ala Thr Asp Lys Thr Val Ile Ser Tyr Gly Cys 85 90 95	288
cgt gct gtg cag ttc tct ttc ttc acc ata tgt gca ggc aca gag tgt Arg Ala Val Gln Phe Ser Phe Phe Thr Ile Cys Ala Gly Thr Glu Cys 100 105 110	336
tac ctg ctg tca gtg atg gcc tat gac cgc ttt gtt gcc att agc aat r Leu Leu Ser Val Met Ala Tyr Asp Arg Phe Val Ala Ile Ser Asn 115 120 125	384
cca ctg cac tgt aac atg acc atg act cca ggt acc tgc agg gtc ttt Pro Leu His Cys Asn Met Thr Met Thr Pro Gly Thr Cys Arg Val Phe 130 135 140	432
ttg gcc agt gcc ttc atc tgt ggg gtg tca ggg gcc att ctg cat acc Leu Ala Ser Ala Phe Ile Cys Gly Val Ser Gly Ala Ile Leu His Thr 145 150 155 160	480
acg tgc acc ttc acc ctc tcc ttc tgt tgt gac aat cag atc aac ttc Thr Cys Thr Phe Thr Leu Ser Phe Cys Cys Asp Asn Gln Ile Asn Phe 165 170 175	528
ttc ttc tgt gac ctc cca ccc ctg ctg aag ctc gcc tgc agc agc atg Phe Phe Cys Asp Leu Pro Pro Leu Leu Lys Leu Ala Cys Ser Ser Met 180 185 190	576
aca caa act gag att gtc att ctc ctt tgt gca aaa tgc atg ttc cta Thr Gln Thr Glu Ile Val Ile Leu Leu Cys Ala Lys Cys Met Phe Leu 195 200 205	624
c aat gtc atg gtt atc ctg atc tgc tac atg ctc att atc aga gcc Asn Val Met Val Ile Leu Ile Cys Tyr Met Leu Ile Ile Arg Ala 210 215 220	672
att ttg agg gtg aag tcg gca gga ggc ctc ctg ata gca tct gct cat Ile Leu Arg Val Lys Ser Ala Gly Gly Leu Leu Ile Ala Ser Ala His 225 230 235 240	720
ttc gat gca tat gta tat gag aca ggc atc aac tac aac aca gtt tat Phe Asp Ala Tyr Val Tyr Glu Thr Gly Ile Asn Tyr Asn Thr Val Tyr 245 250 255	768
ggc tca gga aag gca gta ggg tgg tcc tgg agg agc ctg cgg gaa acc Gly Ser Gly Lys Ala Val Gly Trp Ser Trp Arg Ser Leu Arg Glu Thr 260 265 270	816
aac cac atg aga cca gga aat act tca aaa cac tca gca gcc cag ctg Asn His Met Arg Pro Gly Asn Thr Ser Lys His Ser Ala Ala Gln Leu 275 280 285	864
cat caa tgc ctc atc cag caa gtt ggc agg tgg ccc ttg cag agc atg His Gln Cys Leu Ile Gln Gln Val Gly Arg Trp Pro Leu Gln Ser Met 290 295 300	912



XPs.ST25.txt

ccc ttc ccc gtt tct gca ggg cca cct tat aag tca gtg cag cct ctc Pro Phe Pro Val Ser Ala Gly Pro Pro Tyr Lys Ser Val Gln Pro Leu 305 310 315 320	960
cct gga gac ccc cgg cct ctc ctg tgc atc acc gga tta ttt ctg act Pro Gly Asp Pro Arg Pro Leu Leu Cys Ile Thr Gly Leu Phe Leu Thr 325 330 335	1008
ttg aag atg atg ggg tgt ggg ccc agg agg ccc agg gac agg aag tct Leu Lys Met Met Gly Cys Gly Pro Arg Arg Pro Arg Asp Arg Lys Ser 340 345 350	1056
gac ttc ttc ata aac aca gac cct ggt gca ggg tca cca gaa gaa cag Asp Phe Phe Ile Asn Thr Asp Pro Gly Ala Gly Ser Pro Glu Glu Gln 355 360 365	1104
agg tgt gga tgg gaa ggg cat cct tcc cac tcc tat acc ctg ggg ctg Arg Cys Gly Trp Glu Gly His Pro Ser His Ser Tyr Thr Leu Gly Leu 370 375 380	1152
tct ctg cca gtc aac ttc ggc ctg aaa tgt cca tgg tgg aca cta tct Ser Leu Pro Val Asn Phe Gly Leu Lys Cys Pro Trp Trp Thr Leu Ser 385 390 395 400	1200
gga ccc cca gct acc tgc caa cgt cca gac ctg cag aca cct tct cca Gly Pro Pro Ala Thr Cys Gln Arg Pro Asp Leu Gln Thr Pro Ser Pro 405 410 415	1248
cca aag gag ata tgt tca tcc ggg ctg cga ccc ctt aca cac agc gct Pro Lys Glu Ile Cys Ser Ser Gly Leu Arg Pro Leu Thr His Ser Ala 420 425 430	1296
gga cca gac aga agt caa gtt cca gca gcc tcc gga gca gcc act atg Gly Pro Asp Arg Ser Gln Val Pro Ala Ala Ser Gly Ala Ala Thr Met 435 440 445	1344
ctg aca aag ggg ctg ccc gac atc act gtg gga ctg cag att tat gac Leu Thr Lys Gly Leu Pro Asp Ile Thr Val Gly Leu Gln Ile Tyr Asp 450 455 460	1392
tcc tgc atc tca ggg atc cag gct ctg ggg agc acc ctg gcc ctg ctg Ser Cys Ile Ser Gly Ile Gln Ala Leu Gly Ser Thr Leu Ala Leu Leu 465 470 475 480	1440
cc aat cag ctt cca ccc aca acc aac tat gct tgt ggc tcc cag caa Asn Gln Leu Pro Pro Thr Thr Asn Tyr Ala Cys Gly Ser Gln Gln 485 490 495	1488
cat ctc ctg ggc gtg gtt gga ggg atg acc ttc ctg gag tca gag ccc His Leu Leu Gly Val Val Gly Gly Met Thr Phe Leu Glu Ser Glu Pro 500 505 510	1536
atg tct gag ctg ctc tcc atc tac aga gtc cct cag ggc caa aga ctc Met Ser Glu Leu Leu Ser Ile Tyr Arg Val Pro Gln Gly Gln Arg Leu 515 520 525	1584
acc aaa aac ttt gaa gta aaa gaa ctt gtc tgc aca tat ctg gta gga Thr Lys Asn Phe Glu Val Lys Glu Leu Val Cys Thr Tyr Leu Val Gly 530 535 540	1632
cag ctt cct tat ggc ctg gtc agt tat gac aac agc aac ttt gag tgg Gln Leu Pro Tyr Gly Leu Val Ser Tyr Asp Asn Ser Asn Phe Glu Trp 545 550 555 560	1680
ctg gat cag cag ctg cag aag cag atc ggg ggc gag gga ctt cct gtt Leu Asp Gln Gln Leu Gln Lys Gln Ile Gly Gly Glu Gly Leu Pro Val 565 570 575	1728

05.10.04

XP5.ST25.txt

ggc gct gcg ccc agc cgt gta gcc agg caa cag tct gat gag gaa gct Gly Ala Ala Pro 580 Ser Arg Val Ala Arg 585 Gln Gln Ser Asp 590 Glu Glu Ala	1776
gtg gga gga gtg cag gga tac agg tgg tct gga tta ggg gct tcc atc Val Gly Gly Val Gln Gly Tyr Arg 600 Trp Ser Gly Leu Gly 605 Ala Ser Ile	1824
caa agt gcc aga gaa ggg gct tgg cat cgc aca ggg ctg gag aac atg Gln Ser 610 Ala Arg Glu Gly 615 Trp His Arg Thr Gly 620 Leu Glu Asn Met	1872
acc act gcc cac ctg tct gcc ttc aaa ctt cct gat cta act gcc act Thr Thr Ala His Leu Ser 630 Phe Lys Leu Pro 635 Asp Leu Thr Ala Thr 640	1920
tac caa gcc tac ctg gca gcc aaa gcc ctg tgg gtt gcc tat cag aac Tyr Gln Ala Tyr Leu Ala Ala Lys Ala 650 Leu Trp Val Ala Tyr Gln Asn 655	1968
ttg atg tcc tgc tct gag aga gag gga cca ttc ctg gga ggc acg tat Leu Met Ser Cys 660 Ser Glu Arg Glu Gly 665 Pro Phe Leu Gly Gly 670 Thr Tyr	2016
gcc aat gca tgg gaa gcc agg ctt tct cag gtt aac ttc acc acc aaa Ala Asn Ala Trp Glu Ala Arg Leu Ser 680 Gln Val Asn Phe 685 Thr Thr Lys	2064
gcc caa gaa gag gtt ttc ttc gcc aaa gat ggg gaa gtg ctg aca acg Ala Gln 690 Glu Glu Val Phe 695 Ala Lys Asp Gly Glu Val Leu Thr Thr	2112
ttt gac att aaa aac atc tat gtt ctc cca gac ctg tca gga cag aca Phe Asp Ile Lys Asn 710 Ile Tyr Val Leu Pro Asp 715 Leu Ser Gly Gln Thr 720	2160
gcc att gtt gga cac ttt gac ttc aga gca cct tct gga aaa gag ctt Ala Ile Val Gly His 725 Phe Asp Phe Arg Ala Pro Ser Gly Lys 735 Glu Leu	2208
ctg ttg gat gac agc gca att gtc tgg gca gaa gga ccc tta aag att Leu Leu Asp 740 Ser Ala Ile Val Trp 745 Ala Glu Gly Pro Leu Lys Ile 750	2256
ca gct gag aga acc cta aga acc aag acc aca cag cac ctc tca cat Ala 755 Glu Arg Thr Leu Arg Thr Lys Thr Thr Gln His 765 Leu Ser His	2304
ccc aag ctc cag gag tcc ctt cct ctg tct gca acg aaa aac gtc ctg Pro Lys 770 Leu Gln Glu Ser Leu 775 Pro Leu Ser Ala Thr 780 Lys Asn Val Leu	2352
tgg aaa cca gga agt caa ccc tat ttg aga agt caa aat gct gct aca Trp 785 Lys Pro Gly Ser Gln Pro Tyr Leu Arg Ser 795 Gln Asn Ala Ala Thr 800	2400
aaa gcc ttc cct gac cca gaa gag aaa tcg caa tgt cac cag ttt ctc Lys Ala Phe Pro Asp 805 Pro Glu Glu Lys Ser 810 Gln Cys His Gln Phe Leu 815	2448
ttt ctc cct tca gat agt gtt gca tgt cag aag tgc tct gac aac cag Phe Leu Pro 820 Ser Asp Ser Val Ala Cys 825 Gln Lys Cys Ser Asp 830 Asn Gln	2496
tgg ccc aat gtg cag aag ggc gag tgc atc ccc aaa acc ctt gac ttc Trp Pro 835 Asn Val Gln Lys Gly Glu 840 Cys Ile Pro Lys Thr 845 Leu Asp Phe	2544

05.10.04

XPs.ST25.txt

ttg ttc tat cac aag ccc ctt gac aca gcg ttg gct gtc tgc aca gcc	2592
Leu Phe Tyr His Lys Pro Leu Asp Thr Ala Leu Ala Val Cys Thr Ala	
850 855 860	
ctg ctc ttt ctc ctt gcc ctg gcc atc tta gcc atc ttc cat gtt gtc	2640
Leu Leu Phe Leu Leu Ala Leu Ala Ile Leu Gly Ile Phe His Val Val	
865 870 875 880	
tgc tcc tgt gtc tgg gtg tcc ttc ata cct gcc cac atg cat gcc cac	2688
Cys Ser Cys Val Trp Val Ser Phe Ile Pro Ala His Met His Ala His	
885 890 895	
agc aaa gac acc atg gcc atg gag gtc ttt gtc atc ttg gca tca gca	2736
Ser Lys Asp Thr Met Ala Met Glu Val Phe Val Ile Leu Ala Ser Ala	
900 905 910	
gga ggc ctc atg tcc tcc ctc ttc ttt tcc aaa tgc tac atc atc ctt	2784
Gly Gly Leu Met Ser Ser Leu Phe Phe Ser Lys Cys Tyr Ile Ile Leu	
915 920 925	
ctc cat cct gaa aag aac aca aaa gac caa atg ttt gcc cgg cat cat	2832
Leu His Pro Glu Lys Asn Thr Lys Asp Gln Met Phe Gly Arg His His	
930 935 940	
cgc aag tgg gaa aaa ctg aag tga	2856
Arg Lys Trp Glu Lys Leu Lys	
945 950	

<210> 218
 <211> 951
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 218

Met Ala Lys Arg Asn Leu Ser Thr Val Thr Glu Phe Ile Leu Val Val
 1 5 10 15

Phe Thr Asp His Pro Glu Leu Ala Val Pro Leu Phe Leu Val Phe Leu
 20 25 30

Leu Phe Tyr Leu Val Thr Phe Leu Gly Asn Gly Gly Met Ile Ile Leu
 35 40 45

Ile Gln Val Asp Ala Gln Leu His Thr Pro Val Tyr Phe Phe Leu Ser
 50 55 60

His Leu Ala Phe Leu Asp Ala Cys Cys Ala Ser Val Ile Thr Pro Gln
 65 70 75 80

Ile Leu Ala Thr Leu Ala Thr Asp Lys Thr Val Ile Ser Tyr Gly Cys
 85 90 95

Arg Ala Val Gln Phe Ser Phe Phe Thr Ile Cys Ala Gly Thr Glu Cys
 100 105 110

Tyr Leu Leu Ser Val Met Ala Tyr Asp Arg Phe Val Ala Ile Ser Asn
 115 120 125

05.10.04

XP.s.ST25.txt

Pro Leu His Cys Asn Met Thr Met Thr Pro Gly Thr Cys Arg Val Phe
130 135 140

Leu Ala Ser Ala Phe Ile Cys Gly Val Ser Gly Ala Ile Leu His Thr
145 150 155 160

Thr Cys Thr Phe Thr Leu Ser Phe Cys Cys Asp Asn Gln Ile Asn Phe
165 170 175

Phe Phe Cys Asp Leu Pro Pro Leu Leu Lys Leu Ala Cys Ser Ser Met
180 185 190

Thr Gln Thr Glu Ile Val Ile Leu Leu Cys Ala Lys Cys Met Phe Leu
195 200 205

Ala Asn Val Met Val Ile Leu Ile Cys Tyr Met Leu Ile Ile Arg Ala
210 215 220

Ile Leu Arg Val Lys Ser Ala Gly Gly Leu Leu Ile Ala Ser Ala His
225 230 235 240

Phe Asp Ala Tyr Val Tyr Glu Thr Gly Ile Asn Tyr Asn Thr Val Tyr
245 250 255

Gly Ser Gly Lys Ala Val Gly Trp Ser Trp Arg Ser Leu Arg Glu Thr
260 265 270

Asn His Met Arg Pro Gly Asn Thr Ser Lys His Ser Ala Ala Gln Leu
275 280 285

His Gln Cys Leu Ile Gln Gln Val Gly Arg Trp Pro Leu Gln Ser Met
290 295 300

Pro Phe Pro Val Ser Ala Gly Pro Pro Tyr Lys Ser Val Gln Pro Leu
310 315 320

Pro Gly Asp Pro Arg Pro Leu Leu Cys Ile Thr Gly Leu Phe Leu Thr
325 330 335

Leu Lys Met Met Gly Cys Gly Pro Arg Arg Pro Arg Asp Arg Lys Ser
340 345 350

Asp Phe Phe Ile Asn Thr Asp Pro Gly Ala Gly Ser Pro Glu Glu Gln
355 360 365

Arg Cys Gly Trp Glu Gly His Pro Ser His Ser Tyr Thr Leu Gly Leu
370 375 380

Ser Leu Pro Val Asn Phe Gly Leu Lys Cys Pro Trp Trp Thr Leu Ser
385 390 395 400

05.10.04

XP5.ST25.txt

Gly Pro Pro Ala Thr Cys Gln Arg Pro Asp Leu Gln Thr Pro Ser Pro
405 410 415

Pro Lys Glu Ile Cys Ser Ser Gly Leu Arg Pro Leu Thr His Ser Ala
420 425 430

Gly Pro Asp Arg Ser Gln Val Pro Ala Ala Ser Gly Ala Ala Thr Met
435 440 445

Leu Thr Lys Gly Leu Pro Asp Ile Thr Val Gly Leu Gln Ile Tyr Asp
450 455 460

Ser Cys Ile Ser Gly Ile Gln Ala Leu Gly Ser Thr Leu Ala Leu Leu
465 470 475 480

Ser Asn Gln Leu Pro Pro Thr Thr Asn Tyr Ala Cys Gly Ser Gln Gln
485 490 495

His Leu Leu Gly Val Val Gly Gly Met Thr Phe Leu Glu Ser Glu Pro
500 505 510

Met Ser Glu Leu Leu Ser Ile Tyr Arg Val Pro Gln Gly Gln Arg Leu
515 520 525

Thr Lys Asn Phe Glu Val Lys Glu Leu Val Cys Thr Tyr Leu Val Gly
530 535 540

Gln Leu Pro Tyr Gly Leu Val Ser Tyr Asp Asn Ser Asn Phe Glu Trp
545 550 555 560

Leu Asp Gln Gln Leu Gln Lys Gln Ile Gly Gly Glu Gly Leu Pro Val
565 570 575

Ala Ala Pro Ser Arg Val Ala Arg Gln Gln Ser Asp Glu Glu Ala
580 585 590

Val Gly Gly Val Gln Gly Tyr Arg Trp Ser Gly Leu Gly Ala Ser Ile
595 600 605

Gln Ser Ala Arg Glu Gly Ala Trp His Arg Thr Gly Leu Glu Asn Met
610 615 620

Thr Thr Ala His Leu Ser Ala Phe Lys Leu Pro Asp Leu Thr Ala Thr
625 630 635 640

Tyr Gln Ala Tyr Leu Ala Ala Lys Ala Leu Trp Val Ala Tyr Gln Asn
645 650 655

Leu Met Ser Cys Ser Glu Arg Glu Gly Pro Phe Leu Gly Gly Thr Tyr
660 665 670

05.10.04

XPs.ST25.txt

Ala Asn Ala Trp Glu Ala Arg Leu Ser Gln Val Asn Phe Thr Thr Lys
675 680 685

Ala Gln Glu Glu Val Phe Phe Ala Lys Asp Gly Glu Val Leu Thr Thr
690 695 700

Phe Asp Ile Lys Asn Ile Tyr Val Leu Pro Asp Leu Ser Gly Gln Thr
705 710 715 720

Ala Ile Val Gly His Phe Asp Phe Arg Ala Pro Ser Gly Lys Glu Leu
725 730 735

Leu Leu Asp Asp Ser Ala Ile Val Trp Ala Glu Gly Pro Leu Lys Ile
740 745 750

Arg Ala Glu Arg Thr Leu Arg Thr Lys Thr Thr Gln His Leu Ser His
755 760 765

Pro Lys Leu Gln Glu Ser Leu Pro Leu Ser Ala Thr Lys Asn Val Leu
770 775 780

Trp Lys Pro Gly Ser Gln Pro Tyr Leu Arg Ser Gln Asn Ala Ala Thr
785 790 795 800

Lys Ala Phe Pro Asp Pro Glu Glu Lys Ser Gln Cys His Gln Phe Leu
805 810 815

Phe Leu Pro Ser Asp Ser Val Ala Cys Gln Lys Cys Ser Asp Asn Gln
820 825 830

Trp Pro Asn Val Gln Lys Gly Glu Cys Ile Pro Lys Thr Leu Asp Phe
835 840 845

Leu Phe Tyr His Lys Pro Leu Asp Thr Ala Leu Ala Val Cys Thr Ala
850 855 860

Leu Leu Phe Leu Leu Ala Leu Ala Ile Leu Gly Ile Phe His Val Val
865 870 875 880

Cys Ser Cys Val Trp Val Ser Phe Ile Pro Ala His Met His Ala His
885 890 895

Ser Lys Asp Thr Met Ala Met Glu Val Phe Val Ile Leu Ala Ser Ala
900 905 910

Gly Gly Leu Met Ser Ser Leu Phe Phe Ser Lys Cys Tyr Ile Ile Leu
915 920 925

Leu His Pro Glu Lys Asn Thr Lys Asp Gln Met Phe Gly Arg His His
930 935 940

08.10.04

XPs.ST25.txt

Arg Lys Trp Glu Lys Leu Lys
945 950

<210> 219
<211> 294
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(294)
<223>

<400> 219
atg ggc cac ctc cgg ata tgc agc ctc ctg gcc cgg cag tgc ctg gca 48
Met Gly His Leu Arg Ile Cys Ser Leu Leu Ala Arg Gln Cys Leu Ala
1 5 10 15
gag ttt ctg ggt gtg ttt gta ctc atg ctc ctc acc caa gga gct gtg 96
Glu Phe Leu Gly Val Phe Val Leu Met Leu Leu Thr Gln Gly Ala Val
20 25 30
cag gct gtc acc agt gga gaa acc aaa ggc aac ttc ttc acc atg 144
Ala Gln Ala Val Thr Ser Gly Glu Thr Lys Gly Asn Phe Phe Thr Met
35 40 45
ttt ctg gct ggc tct ctg gcc gtt acg ata gcc atc tac gtg ggt ggt 192
Phe Leu Ala Gly Ser Leu Ala Val Thr Ile Ala Ile Tyr Val Gly Gly
50 55 60
aac gtc tca ggt gag gag ggt ggg gtc tgg tca tca gag cag gtg gga 240
Asn Val Ser Gly Glu Glu Gly Gly Val Trp Ser Ser Glu Gln Val Gly
65 70 75 80
cgt gca tgt gag cgt gtc ggt ctg gcg atg gtg gaa acg caa atc ctt 288
Arg Ala Cys Glu Arg Val Gly Leu Ala Met Val Glu Thr Gln Ile Leu
85 90 95
ctg tga 294
Leu

<210> 220
<211> 97
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 220

Met Gly His Leu Arg Ile Cys Ser Leu Leu Ala Arg Gln Cys Leu Ala
1 5 10 15
Glu Phe Leu Gly Val Phe Val Leu Met Leu Leu Thr Gln Gly Ala Val
20 25 30
Ala Gln Ala Val Thr Ser Gly Glu Thr Lys Gly Asn Phe Phe Thr Met
35 40 45
Phe Leu Ala Gly Ser Leu Ala Val Thr Ile Ala Ile Tyr Val Gly Gly
50 55 60

08.10.04

XPs.ST25.txt

Asn Val Ser Gly Glu Glu Gly Gly Val Trp Ser Ser Glu Gln Val Gly
65 70 75 80

Arg Ala Cys Glu Arg Val Gly Leu Ala Met Val Glu Thr Gln Ile Leu
85 90 95

Leu

<210> 221
<211> 736
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (120)..(443)
<223>

<400> 221
tttcaaaat aatttcaacc gacggtacaa ccagatcttt gcataaatca tagatcgaat 60
gaacaagaaa attcaacagt tgcagaaatg tcactaactg tggttcatct gatcgctgg 119
atg gat ttt gtc ctg gat agc ttt ctg aga ctt ttc tct ggg ttc agt 167
Met Asp Phe Val Leu Asp Ser Phe Leu Arg Leu Phe Ser Gly Phe Ser
1 5 10 15
gtc ctc ctt tct ctg ggt tac ctg tcc tcc ttt ctc tgg gtg cgc tct 215
Val Leu Leu Ser Leu Gly Tyr Leu Ser Ser Phe Leu Trp Val Arg Ser
20 25 30
ctg ttc tct ggg tgc acc gtc atc ttt tgc agt ctt gtc aca ctc agt 263
Leu Phe Ser Gly Cys Thr Val Ile Phe Cys Ser Leu Val Thr Leu Ser
35 40 45
atc aaa gtg cct tcc ttc aag gac atc acc act ttc aat att tgc aat 311
Ile Lys Val Pro Ser Phe Lys Asp Ile Thr Thr Phe Asn Ile Cys Asn
50 55 60
gac tgt ggc gaa ttt atg aac gaa cat ttg tat agc caa tcc ttt ggt 359
Asp Cys Gly Glu Phe Met Asn Glu His Leu Tyr Ser Gln Ser Phe Gly
65 70 75 80
ctc tcg agc aca tta ttt agg tat tgt atg agc aca gga tct gta gtt 407
Cys Ser Ser Thr Leu Phe Arg Tyr Cys Met Ser Thr Gly Ser Val Val
85 90 95
aca agc aag gtg agt ctg tac tct gca ctc caa tga aggcttcagg 453
Thr Ser Lys Val Ser Leu Tyr Ser Ala Leu Gln
100 105
tgggtatgtg ctgtgctgat ataaaatgct gttgatacca aatgggaaga actcagccag 513
gattccacgc tcctgccagg gtgattctct gtcctggga gagctgcatc gcctcagcca 573
ggccacaga ccaaggcaca tgggtttcca cttggccgac caagagcgca gccgctcccc 633
cggtccctcc cgcagcagtt cccaccacg gcttcataga acttagttct tctgcctcac 693
tgaactttgt accctttgac tagcatttct tcatttgcca ccc 736

<210> 222
<211> 107

08.10.04

XP5.ST25.txt

<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 222

Met Asp Phe Val Leu Asp Ser Phe Leu Arg Leu Phe Ser Gly Phe Ser
1 5 10 15

Val Leu Leu Ser Leu Gly Tyr Leu Ser Ser Phe Leu Trp Val Arg Ser
20 25 30

Leu Phe Ser Gly Cys Thr Val Ile Phe Cys Ser Leu Val Thr Leu Ser
35 40 45

Ile Lys Val Pro Ser Phe Lys Asp Ile Thr Thr Phe Asn Ile Cys Asn
50 55 60

Asp Cys Gly Glu Phe Met Asn Glu His Leu Tyr Ser Gln Ser Phe Gly
65 70 75 80

Cys Ser Ser Thr Leu Phe Arg Tyr Cys Met Ser Thr Gly Ser Val Val
85 90 95

Thr Ser Lys Val Ser Leu Tyr Ser Ala Leu Gln
100 105

<210> 223
<211> 2137
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (34)..(714)
<223>

<400> 223
agtttcttcc acctgcaccc agttgtcttc agc atg ggg gag cag aac cac tct 54
Met Gly Glu Gln Asn His Ser
1 5

ccc agg aag gag ctt cag cac aga aca caa gca gag gct cca gga aag 102
Pro Arg Lys Glu Leu Gln His Arg Thr Gln Ala Glu Ala Pro Gly Lys
10 15 20

aaa agc tgg cac tcc cag gcc tat gcc ctt ggg gct gtt tcc aac tct 150
Lys Ser Trp His Ser Gln Ala Tyr Ala Leu Gly Ala Val Ser Asn Ser
25 30 35

atg tct act ttt ctg acc ttt cct atc tat aag gtt gtg ttt cgg caa 198
Met Ser Thr Phe Leu Thr Phe Pro Ile Tyr Lys Val Val Phe Arg Gln
40 45 50 55

cag atc cat gcc atg gca gtg tca gag gct gtg aga cac ttt ggc acg 246
Gln Ile His Ala Met Ala Val Ser Glu Ala Val Arg His Phe Gly Thr
60 65 70

aag gtc ctc aat act tct acc ggg gaa tct acc ctc ctc ttc tct cca 294
Lys Val Leu Asn Thr Ser Thr Gly Glu Ser Thr Leu Leu Phe Ser Pro
75 80 85

05.10.04

XPs.ST25.txt

aga tgt tgc aag gga ctc ttc tgt ttg gga ctt atg ata gcc tgc tgt	342
Arg Cys Cys Lys Gly Leu Phe Cys Leu Gly Leu Met Ile Ala Cys Cys	
90 95 100	
gct ttc tct ctc ctg ttg ggc cac aca ccc tgg gac gcc act ggg ctg	390
Ala Phe Ser Leu Leu Leu Gly His Thr Pro Trp Asp Ala Thr Gly Leu	
105 110 115	
cag gga tca tgt ctg gcc tgg tgg agg ctg tgg cac tca gcc cct ttg	438
Gln Gly Ser Cys Leu Ala Trp Trp Arg Leu Trp His Ser Ala Pro Leu	
120 125 130 135	
aaa ggg tgc aaa atg tgc tcc agg atg gtt gca agc aag ctc gct tac	486
Lys Gly Cys Lys Met Cys Ser Arg Met Val Ala Ser Lys Leu Ala Tyr	
140 145 150	
cca gca cct tca gca ttc ttg agg aat tca att ctt atg ggc ttt ggg	534
Pro Ala Pro Ser Ala Phe Leu Arg Asn Ser Ile Leu Met Gly Phe Gly	
155 160 165	
ggc ggc tgt cac ggg gct act acc atg gtt tct ggc ctg tcc tgg cca	582
Gly Gly Cys His Gly Ala Thr Thr Met Val Ser Gly Leu Ser Trp Pro	
170 175 180	
ga aca gcc tgg gga gca ctc tat att ttt ctt tcc agg acc cca tgc	630
Gly Thr Ala Trp Gly Ala Leu Tyr Ile Phe Leu Ser Arg Thr Pro Cys	
185 190 195	
agg atg gcc tgg cag agc aag gcc tgg ccc att ggg ttc ctg cct tgg	678
Arg Met Ala Trp Gln Ser Lys Ala Trp Pro Ile Gly Phe Leu Pro Trp	
200 205 210 215	
tgt ctg gta gtg tca atg aaa caa tca cct gcc tag ttctgtatcc	724
Cys Leu Val Val Ser Met Lys Gln Ser Pro Ala	
220 225	
tccgattgtg ctggctgcta atatgcagtc ccatattgga tggcagaaca tgccaagcct	784
gtgggcctct gccaggatg tgtggaacac ttggggccaa aagcttctcc tgatctaccg	844
tggaggctcc ctggctcatcc taagggtccag tgtgacatgg ggcctcacta cggcaatcca	904
tgacttcctg cagaggaagt cacactccag gaaagagctg aagactgact agctgcagaa	964
agtgtggcca tgccaccttt gttattctga atcttccctg gttggttcta tatagcttac	1024
tttggct cggttgcccta atacagccat cttttagcat ctgtaaactc attgcatggg	1084
agaagttccc aactaccaac ctgttgagca aggacaaagc ccaaaagtat tccttagtca	1144
aaaagaaaacg ttcgccccag tctctccaca gcttcagtag cctcagagcc aggaggcctt	1204
taaataacat gtaaccacaga ttaagtgtca ttcttttaag gaattccttg gcaataaaca	1264
gaaacttaaa aagataacct tacttaggca ctctgagctc tgggaccctt ctaggtgtcc	1324
tccagaccaa actgagtgga actccaattt caaagaactg tgcttgactc ttaggatggg	1384
aattccataa aactttctcag atggctacat tttcatgata ttgttactg cctctaccac	1444
cacctctcac ttctcaaggc tgtgggtcct actttcaggg tagcagctgt ggctggaaat	1504
cctaaattag gcttgcatga actcgtcagg tgccacaaga actagtgggg ctggagatgg	1564
gaatgggaag aagtgtgacc catggatgga aatgataaaa ctttgaaaga agagatttaa	1624
ttacatgcaa aatagaaaca tttgctatag tctgcttggg gttatctggt aggacatttc	1684

05.10.04

XPs.ST25.txt

tgagagcaag gtgataacat tgcccagaaa cgatttgagt ttccccaaga aacctggaag 1744
tgaagtgacc atatctcttc acagataatt gcatattttg ttgatgtggt aaatgtagtt 1804
agtatgacat aaagatcaga aatcttagcc tgtcattcag agccattcaa aatatgctcc 1864
ttatataact ttcaacatat tttcactcca cttacataaa ccccaaacac tagccataat 1924
gaaccttggt ctctcccaa acattccatg aactttcca tggccatact ttggcccaca 1984
ctattctttc cacctgcagt gctccttctt cacatgccag tctacaaaa tccttcaggc 2044
tcctcgaagc ccagctcaga ggtcaccttc tctttggagc ctcttgattt cccccaagtg 2104
aatgtgacat tagtctctgt gatgccctt tct 2137

<210> 224
<211> 226
<212> PRT
<213> Homo sapiens

100> 224

1 Met Gly Glu Gln Asn His Ser Pro Arg Lys Glu Leu Gln His Arg Thr
5 10 15
Gln Ala Glu Ala Pro Gly Lys Lys Ser Trp His Ser Gln Ala Tyr Ala
20 25 30
Leu Gly Ala Val Ser Asn Ser Met Ser Thr Phe Leu Thr Phe Pro Ile
35 40 45
Tyr Lys Val Val Phe Arg Gln Gln Ile His Ala Met Ala Val Ser Glu
50 55 60
Ala Val Arg His Phe Gly Thr Lys Val Leu Asn Thr Ser Thr Gly Glu
65 70 75 80
Ser Thr Leu Leu Phe Ser Pro Arg Cys Cys Lys Gly Leu Phe Cys Leu
85 90 95
Gly Leu Met Ile Ala Cys Cys Ala Phe Ser Leu Leu Leu Gly His Thr
100 105 110
Pro Trp Asp Ala Thr Gly Leu Gln Gly Ser Cys Leu Ala Trp Trp Arg
115 120 125
Leu Trp His Ser Ala Pro Leu Lys Gly Cys Lys Met Cys Ser Arg Met
130 135 140
Val Ala Ser Lys Leu Ala Tyr Pro Ala Pro Ser Ala Phe Leu Arg Asn
145 150 155 160
Ser Ile Leu Met Gly Phe Gly Gly Gly Cys His Gly Ala Thr Thr Met
165 170 175

05.10.04

Val Ser Gly Leu Ser Trp Pro Gly Thr Ala Trp Gly Ala Leu Tyr Ile
180 185 190

Phe Leu Ser Arg Thr Pro Cys Arg Met Ala Trp Gln Ser Lys Ala Trp
195 200 205

Pro Ile Gly Phe Leu Pro Trp Cys Leu Val Val Ser Met Lys Gln Ser
210 215 220

Pro Ala
225

<210> 225
<211> 2307
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1041)..(1814)
<223>

<400> 225
gtgcagccca ggcttctgag ggagggcagaa gaaagaaatc caagcctcgg acaagttaac 60
taagggcacg gcaggaagga ggtgtcgtcc tcatcgccat gtgcacgtgt catccgtcag 120
tgctccatgc agtgctccac cacggcatcc gccactctgc caccagctcc gcggggatgg 180
acgcacaggc cccagtcatg gccctgccct gaggagatgc tggtcgtctt cctgctcatt 240
cactccccctg tgctgcactg ctgggggtcag acaaggctcc atccaagaac ccatgacttc 300
aaaagaaaga aacctttgtc ctcaaatttg gtaacaggca aacggtctgc gtggaagccc 360
tgtctgcagc ctctgctcac tccaggacgt gctgccctca ctgctcctct gatgtgcccc 420
cggctcaagg ctgagcattc ccgtatccac gcaggaaggc cgggggactg gctcccaaac 480
agcggccagg accttggggg caccagggga gactggggcc ctgcacctca gggctttgga 540
tccaggtctg ggacgagccc tgggaatcag catgggagca gtggcagcca tcctgtggcc 600
gagggggag ctggctggag gacaacctga aatgctgagg gcagcaggag gaaacacaga 660
aggaacctgc gtcctgggtg acatcccgga cctgctgcac tcgccggccc tggagccacc 720
tgcctctggc ttcattgtgag ctgtcacact gttattatta tttcgttcct caagtagggg 780
tttctgctc cttgcagccg gaagcagtaa gtggtagcca cccacccct gcagggcagt 840
cttctgatgg ctctgagctc cctgaggtgg gggcgaggca gggctctgtgc tccactctga 900
gggcccagtg gagcagcagg tgttcgaaca catagggttt accccaggca gaaaccaccc 960
tcataagggc atgagacca ggcagagtga gctctctggc ctcttggtat tttcttttgt 1020
gtctgtcttc tcagcagcct atg agc tcc tcc agg gca aaa aac tgc cat cat 1073
Met Ser Ser Ser Arg Ala Lys Asn Cys His His
1 5 10
gct aag ggg ttc tgg acc ctg ggg cca ggc aca ggg cca ggg aca gag 1121
Ala Lys Gly Phe Trp Thr Leu Gly Pro Gly Thr Gly Pro Gly Thr Glu
15 20 25

05.10.04

XPs.ST25.txt

tgg gca ggt aac gaa ggc ttg ctg ggc acc gtg gga gag aag gga acg Trp Ala Gly Asn Glu Gly Leu Leu Gly Thr Val Gly Glu Lys Gly Thr 30 35 40	1169
gag gca ttg agg ggc aag aga aaa gga gaa gtg gaa ggc cag aca ggc Glu Ala Leu Arg Gly Lys Arg Lys Gly Glu Val Glu Gly Gln Thr Gly 45 50 55	1217
aga gaa gga aag gtt cgt gga gag cag tct ctt cat ggg gac cca agg Arg Glu Gly Lys Val Arg Gly Glu Gln Ser Leu His Gly Asp Pro Arg 60 65 70 75	1265
agg ccc cac cag aga gga act gag gct gtg aaa tgg aag gat gga ggc Arg Pro His Gln Arg Gly Thr Glu Ala Val Lys Trp Lys Asp Gly Gly 80 85 90	1313
ctg agg gat cca ggc cag tgg aca agt gag ccc gag cag acg gaa cca Leu Arg Asp Pro Gly Gln Trp Thr Ser Glu Pro Glu Gln Thr Glu Pro 95 100 105	1361
tcc cca tgc cta tct ggt tgt ctc ctc ctc ctc ctg ctc ctc acc ccc Ser Pro Cys Leu Ser Gly Cys Leu Leu Leu Leu Leu Leu Leu Thr Pro 110 115 120	1409
ctc ctc ctc ctc cac ctc ctc ctt ctc ccc ctc ctc ctc ctt ctc ccc Phe Leu Leu Leu His Leu Leu Leu Leu Pro Leu Leu Leu Leu Leu Pro 125 130 135	1457
ctc ttc ctc ctc gcc ctc tcc ctc ccc ctc ttc ttc ctc ctc ctc cct Leu Phe Leu Leu Ala Leu Ser Leu Pro Leu Phe Phe Leu Leu Leu Pro 140 145 150 155	1505
ctc ttc ctc ctc ctc ccc ctc ttc ctc ccc ctc ttc atc cca ctc ttc Leu Phe Leu Leu Leu Pro Leu Phe Leu Pro Leu Phe Ile Pro Leu Phe 160 165 170	1553
ctc ctc ccc tct tcc tcc ccc tct tcc tcc tcc tcc ccc tct tac tcc Leu Leu Pro Ser Ser Ser Pro Ser Ser Ser Ser Pro Ser Tyr Ser 175 180 185	1601
tcc cct tct tct tcc ccc tct tcc tcc tcc cct ctt cct cct cct cct Ser Pro Ser Ser Ser Pro Ser Ser Ser Ser Pro Leu Pro Pro Pro Pro 190 195 200	1649
cct ccc cct tcc ttc tcc tcc tct tct tcc tcc tcc ttc ccc ttc ctc Pro Pro Pro Ser Phe Ser Ser Ser Ser Ser Ser Phe Pro Phe Leu 205 210 215	1697
ctc ctc ctc ccc ctc ttc ttc ctc ctt ctc cta tcc tct ttt tct tcc Leu Leu Leu Pro Leu Phe Phe Leu Leu Leu Leu Ser Ser Phe Ser Ser 220 225 230 235	1745
tca acc ttt tcc tcc tcc tcc tcc tcc tcc ttc ccc gcc tta ccc ctc Ser Thr Phe Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Phe Pro Ala Leu Pro Leu 240 245 250	1793
ctt ccc cac act ctg aaa tga gcacatggct cagactgaga ggacaaacct Leu Pro His Thr Leu Lys 255	1844
ccagctgaat ttagttgtag ctgtggttcc ccaaaatgct ttgaggattc atcagaacca	1904
gtagctgcct ctctgcttcc tcatctacac acctaatttt gtagcttcag aacagggtgtg	1964
actcaggcag aggaaggggt acacagggtgt cactgtgccc acccctaggg agactgctac	2024
agacagactt cccggtggga cccggccccc acccatgcat ggtggccacg ggcatgagga	2084

05.10.04

XPs.ST25.txt

gggtgataat gacaagggga gccacgatga ccacaggggtt tatagagatc tcgccatttg 2144
ctgagcaatg tggaggaacg ttacacacac catgtcgcct ccccgatgc ctgcaggga 2204
ggatatcattg ccctgcattc tattgaggag gaaattgagt tggaagtgcc caagatcacg 2264
tcgttaataa atggcagggc' ctaaacaagc ccttagccgc tac 2307

<210> 226
<211> 257
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 226

Met Ser Ser Ser Arg Ala Lys Asn Cys His His Ala Lys Gly Phe Trp
1 5 10 15

Thr Leu Gly Pro Gly Thr Gly Pro Gly Thr Glu Trp Ala Gly Asn Glu
20 25 30

Gly Leu Leu Gly Thr Val Gly Glu Lys Gly Thr Glu Ala Leu Arg Gly
35 40 45

Lys Arg Lys Gly Glu Val Glu Gly Gln Thr Gly Arg Glu Gly Lys Val
50 55 60

Arg Gly Glu Gln Ser Leu His Gly Asp Pro Arg Arg Pro His Gln Arg
65 70 75 80

Gly Thr Glu Ala Val Lys Trp Lys Asp Gly Gly Leu Arg Asp Pro Gly
85 90 95

Gln Trp Thr Ser Glu Pro Glu Gln Thr Glu Pro Ser Pro Cys Leu Ser
100 105 110

Gly Cys Leu Leu Leu Leu Leu Leu Thr Pro Phe Leu Leu Leu His
115 120 125

Leu Leu Leu Leu Pro Leu Leu Leu Leu Pro Leu Phe Leu Leu Ala
130 135 140

Leu Ser Leu Pro Leu Phe Phe Leu Leu Leu Pro Leu Phe Leu Leu Leu
145 150 155 160

Pro Leu Phe Leu Pro Leu Phe Ile Pro Leu Phe Leu Leu Pro Ser Ser
165 170 175

Ser Pro Ser Ser Ser Ser Ser Pro Ser Tyr Ser Ser Pro Ser Ser Ser
180 185 190

Pro Ser Ser Ser Ser Pro Leu Pro Pro Pro Pro Pro Pro Ser Phe
195 200 205

08.10.04

XPs.ST25.txt

Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Phe Pro Phe Leu Leu Leu Leu Pro Leu
210 215 220

Phe Phe Leu Leu Leu Leu Ser Ser Phe Ser Ser Ser Thr Phe Ser Ser
225 230 235 240

Ser Ser Ser Ser Ser Phe Pro Ala Leu Pro Leu Leu Pro His Thr Leu
245 250 255

Lys

<210> 227
<211> 2971
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (58)..(1773)
<223>

<400> 227
gactgggttc gcggccgcgt gcagaggtgc aggcagagca gcctcggaac cgagacg 57

atg cgt gcg ctc cgc gac cga gcc ggg ctc ctc ctc tgc gtg ctg ctg 105
Met Arg Ala Leu Arg Asp Arg Ala Gly Leu Leu Leu Cys Val Leu Leu
1 5 10 15

ctg gcg gcg ctg ctg gag gcg gcg cta ggg ctc ccc gtg aag aag ccg 153
Leu Ala Ala Leu Leu Glu Ala Ala Leu Gly Leu Pro Val Lys Lys Pro
20 25 30

cgg ctc cgc gga cca cgg cct ggg agc ctc acg agg ctc gca gag gtc 201
Arg Leu Arg Gly Pro Arg Pro Gly Ser Leu Thr Arg Leu Ala Glu Val
35 40 45

tca gcc tcc cca gat cct agg cct ctg aag gaa gag gag gag gca cca 249
Ser Ala Ser Pro Asp Pro Arg Pro Leu Lys Glu Glu Glu Glu Ala Pro
50 55 60

g ctc ccc aga acc cac ctg cag gca gag cca cac caa cat gga tgc 297
Leu Leu Pro Arg Thr His Leu Gln Ala Glu Pro His Gln His Gly Cys
65 70 75 80

tgg act gtc act gag cca gca gcc atg acc cca ggc aac gcc acc cct 345
Trp Thr Val Thr Glu Pro Ala Ala Met Thr Pro Gly Asn Ala Thr Pro
85 90 95

ccc agg acc cca gag gtt act ccg ttg cgg ctg gag ctg cag aag ctg 393
Pro Arg Thr Pro Glu Val Thr Pro Leu Arg Leu Glu Leu Gln Lys Leu
100 105 110

ccg gga ttg gcc aac aca acc ttg agt acc cct aac cct gat acc cag 441
Pro Gly Leu Ala Asn Thr Thr Leu Ser Thr Pro Asn Pro Asp Thr Gln
115 120 125

gct tca gcc tcc cca gat cct agg cct ctg agg gaa gag gag gag gca 489
Ala Ser Ala Ser Pro Asp Pro Arg Pro Leu Arg Glu Glu Glu Glu Ala
130 135 140

cga ctg ctc ccc aga acc cac ctg cag gca gag cta cac caa cat gga 537
Arg Leu Leu Pro Arg Thr His Leu Gln Ala Glu Leu His Gln His Gly
Seite 346

08.10.04

XPs.ST25.txt
155

145	150	155	160	
tgt tgg act gtc act gag cca gca gcc ctg acc cca ggg aat gcc acg Cys Trp Thr Val Thr Glu Pro Ala Ala Leu Thr Pro Gly Asn Ala Thr	165	170	175	585
cct ccc agg acc cag gag gtt act ccc ttg ctg ctg gag ctg cag aag Pro Pro Arg Thr Gln Glu Val Thr Pro Leu Leu Leu Glu Leu Gln Lys	180	185	190	633
ctg cca gaa ttg gtc cac gca acc ttg agt acc cct aac cct gat aac Leu Pro Glu Leu Val His Ala Thr Leu Ser Thr Pro Asn Pro Asp Asn	195	200	205	681
cag gtg acc atc aag gtg gtg gag gac ccc cag gcc gag gtg tcg ata Gln Val Thr Ile Lys Val Val Glu Asp Pro Gln Ala Glu Val Ser Ile	210	215	220	729
gac ctg ttg gct gag ccc agc aat ccc ccg ccc cag gat acc ctt agc Asp Leu Leu Ala Glu Pro Ser Asn Pro Pro Pro Gln Asp Thr Leu Ser	225	230	235	777
tgg ctg ccc gcc ctc tgg tcc ttc ctc tgg gga gac tac aaa gga gag Pro Leu Pro Ala Leu Trp Ser Phe Leu Trp Gly Asp Tyr Lys Gly Glu	245	250	255	825
gaa aaa gac agg gcc cca ggg gag aag ggg gag gaa aag gag gaa gac Glu Lys Asp Arg Ala Pro Gly Glu Lys Gly Glu Glu Lys Glu Glu Asp	260	265	270	873
gag gac tat cct tca gag gat atc gag ggt gag gat caa gag gac aaa Glu Asp Tyr Pro Ser Glu Asp Ile Glu Gly Glu Asp Gln Glu Asp Lys	275	280	285	921
gag gaa gat gag gaa gag cag gcg ctc tgg ttc aat gga act aca gac Glu Glu Asp Glu Glu Glu Gln Ala Leu Trp Phe Asn Gly Thr Thr Asp	290	295	300	969
aac tgg gac cag ggc tgg ctg gcc ccc ggg gat tgg gtc ttc aag gat Asn Trp Asp Gln Gly Trp Leu Ala Pro Gly Asp Trp Val Phe Lys Asp	305	310	315	1017
tct gtc agc tac gac tat gag cct cag aag gag tgg agt ccc tgg tct Ser Val Ser Tyr Asp Tyr Glu Pro Gln Lys Glu Trp Ser Pro Trp Ser	325	330	335	1065
c tgc agt ggg aac tgc agc act ggc aag cag cag agg act cgg ccc Pro Cys Ser Gly Asn Cys Ser Thr Gly Lys Gln Gln Arg Thr Arg Pro	340	345	350	1113
tgt ggc tat ggc tgc act gcc acc gag acc cgt acc tgt gac ctg ccc Cys Gly Tyr Gly Cys Thr Ala Thr Glu Thr Arg Thr Cys Asp Leu Pro	355	360	365	1161
tcc tgt cct ggc act gag gac aag gac acc ttg ggc ctc ccc agt gag Ser Cys Pro Gly Thr Glu Asp Lys Asp Thr Leu Gly Leu Pro Ser Glu	370	375	380	1209
gag tgg aag ctc ctg gcc cgc aat gct acg gac atg cat gat caa gat Glu Trp Lys Leu Leu Ala Arg Asn Ala Thr Asp Met His Asp Gln Asp	385	390	395	1257
gtg gac agc tgt gag aag tgg ctg aac tgc aag agc gac ttc cta atc Val Asp Ser Cys Glu Lys Trp Leu Asn Cys Lys Ser Asp Phe Leu Ile	405	410	415	1305
aag tat ctg agc cag atg ctg cgg gac ctg ccc agc tgc ccg tgt gcc Lys Tyr Leu Ser Gln Met Leu Arg Asp Leu Pro Ser Cys Pro Cys Ala				1353

05.10.04

XP.S.T25.txt

420	425	430	
tac cca ctg gag gcc atg gac agc cct gtg agc cta cag gac gag cac Tyr Pro Leu Glu Ala Met Asp Ser Pro Val Ser Leu Gln Asp Glu His 435 440 445			1401
cag ggc cgc agc ttc cgg tgg agg gat gcc agt ggc cct cgc gag cgc Gln Gly Arg Ser Phe Arg Trp Arg Asp Ala Ser Gly Pro Arg Glu Arg 450 455 460			1449
ctg gac atc tac cag ccc acg gcg cgc ttc tgc ctg cgt tcc atg ctg Leu Asp Ile Tyr Gln Pro Thr Ala Arg Phe Cys Leu Arg Ser Met Leu 465 470 475 480			1497
tct ggg gag agc agc aca ctg gcc gcc cag cac tgc tgc tat gac gag Ser Gly Glu Ser Ser Thr Leu Ala Ala Gln His Cys Cys Tyr Asp Glu 485 490 495			1545
gac agc cgg ctg ctg acc cgt ggc aag ggc gcc ggc atg ccc aac ctc Asp Ser Arg Leu Leu Thr Arg Gly Lys Gly Ala Gly Met Pro Asn Leu 500 505 510			1593
atc agc acc gac ttc tca cct aag ctg cac ttc aag ttc gac acg acg e Ser Thr Asp Phe Ser Pro Lys Leu His Phe Lys Phe Asp Thr Thr 515 520 525			1641
ccc tgg atc ctg tgc aag ggc gac tgg agc cgc ctc cac gct gtg ctc Pro Trp Ile Leu Cys Lys Gly Asp Trp Ser Arg Leu His Ala Val Leu 530 535 540			1689
cct ccc aac aac ggc cga gcc tgc acc gac aac ccc ctg gag gag gag Pro Pro Asn Asn Gly Arg Ala Cys Thr Asp Asn Pro Leu Glu Glu Glu 545 550 555 560			1737
tac cta gca cag ttg cag gag gcc aag gag tac tag tgacgggggtt Tyr Leu Ala Gln Leu Gln Glu Ala Lys Glu Tyr 565 570			1783
gctgaacaga cactgcaggg agagggcagg cggctgctgc tggtgcacgg gagaactttc			1843
ctcaccgcc cctgcccaga caggggtgagg aaagggctcc cccagtgagg ttggtccgag			1903
gctgtgtgcc ctctgccagc gaccccgagg cagatatctc agtgggggta gtgagaaggt			1963
tgaagggtat gtagggccca ggggtgggtgt ccctgggagc cctggaaatg tgcataatgtg			2023
gtgtgtctg ccggggcctc cctctgctgc ctgctgggac cctggccact catttttctc			2083
ctccttgga gctgggctct tctgccctgg ctctgcacat aagtgttagc cagcagctcc			2143
agaaaaatcc cgattcccgg gatctgccac gagtcactcc tactccaccc tgatggccag			2203
cagaggaagg gccactcttc tcatgggcac agccatcctt tgccgggggg ggcattccagc			2263
ctgggtggcc acccctcctt atctctgggt ggtgcacatg cccttctttc cccactcctt			2323
gccacgagcc actgcacagg aggctatctg tagccccaag ctgcctttct gttggacacc			2383
aacttttagtc ttgggctgca agccagccca gctgaggcga agtggactcc aggcagggaa			2443
tgggttgccc aattctggtc cttttctttt gctcagcccc ctctgttctg ctgattgtag			2503
ggatgtgcag ggctgggagt tggcactccc cccgagtggg gaggtgacag cttgtcacag			2563
tagccaggct tgggtgggtt cagcactagc tcggggacggt gtgtcacacg tctatagtaa			2623
accagttctc tgggagggga aaaaagccct gatttattgc atttgggcag cttctgtggt			2683

05.10.04

XP5.ST25.txt
 gtaaattctc ccagcagtgt cccatgtcat gctgccagca tcactgaatg cactgaactc 2743
 agagttggga agagatgcac ataatcgctc tcccggcaca cctcatgcct cttccctgcc 2803
 tccccattcc cctggctgca cttccttgcc ttctatgggg ttgaaatatt gaagtctcaa 2863
 ctgtctctgt tcacaagagc caccaaaagt taggggactt cagtcctagc ccccagatgg 2923
 ccgccctgaa gctctctggg ctctcagca ataaagcact ttattttc 2971

<210> 228
 <211> 571
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 228

Met Arg Ala Leu Arg Asp Arg Ala Gly Leu Leu Leu Cys Val Leu Leu
 1 5 10 15

Leu Ala Ala Leu Leu Glu Ala Ala Leu Gly Leu Pro Val Lys Lys Pro
 20 25 30

Arg Leu Arg Gly Pro Arg Pro Gly Ser Leu Thr Arg Leu Ala Glu Val
 35 40 45

Ser Ala Ser Pro Asp Pro Arg Pro Leu Lys Glu Glu Glu Glu Ala Pro
 50 55 60

Leu Leu Pro Arg Thr His Leu Gln Ala Glu Pro His Gln His Gly Cys
 65 70 75 80

Trp Thr Val Thr Glu Pro Ala Ala Met Thr Pro Gly Asn Ala Thr Pro
 85 90 95

Pro Arg Thr Pro Glu Val Thr Pro Leu Arg Leu Glu Leu Gln Lys Leu
 100 105 110

Pro Gly Leu Ala Asn Thr Thr Leu Ser Thr Pro Asn Pro Asp Thr Gln
 115 120 125

Ala Ser Ala Ser Pro Asp Pro Arg Pro Leu Arg Glu Glu Glu Glu Ala
 130 135 140

Arg Leu Leu Pro Arg Thr His Leu Gln Ala Glu Leu His Gln His Gly
 145 150 155 160

Cys Trp Thr Val Thr Glu Pro Ala Ala Leu Thr Pro Gly Asn Ala Thr
 165 170 175

Pro Pro Arg Thr Gln Glu Val Thr Pro Leu Leu Leu Glu Leu Gln Lys
 180 185 190

Leu Pro Glu Leu Val His Ala Thr Leu Ser Thr Pro Asn Pro Asp Asn
 195 200 205

05.10.04

XPs.ST25.txt

Gln Val Thr Ile Lys Val Val Glu Asp Pro Gln Ala Glu Val Ser Ile
210 215 220

Asp Leu Leu Ala Glu Pro Ser Asn Pro Pro Pro Gln Asp Thr Leu Ser
225 230 235 240

Trp Leu Pro Ala Leu Trp Ser Phe Leu Trp Gly Asp Tyr Lys Gly Glu
245 250 255

Glu Lys Asp Arg Ala Pro Gly Glu Lys Gly Glu Glu Lys Glu Glu Asp
260 265 270

Glu Asp Tyr Pro Ser Glu Asp Ile Glu Gly Glu Asp Gln Glu Asp Lys
275 280 285

Glu Glu Asp Glu Glu Glu Gln Ala Leu Trp Phe Asn Gly Thr Thr Asp
290 295 300

Asn Trp Asp Gln Gly Trp Leu Ala Pro Gly Asp Trp Val Phe Lys Asp
305 310 315 320

Ser Val Ser Tyr Asp Tyr Glu Pro Gln Lys Glu Trp Ser Pro Trp Ser
325 330 335

Pro Cys Ser Gly Asn Cys Ser Thr Gly Lys Gln Gln Arg Thr Arg Pro
340 345 350

Cys Gly Tyr Gly Cys Thr Ala Thr Glu Thr Arg Thr Cys Asp Leu Pro
355 360 365

Ser Cys Pro Gly Thr Glu Asp Lys Asp Thr Leu Gly Leu Pro Ser Glu
370 375 380

Leu Trp Lys Leu Leu Ala Arg Asn Ala Thr Asp Met His Asp Gln Asp
385 390 395 400

Val Asp Ser Cys Glu Lys Trp Leu Asn Cys Lys Ser Asp Phe Leu Ile
405 410 415

Lys Tyr Leu Ser Gln Met Leu Arg Asp Leu Pro Ser Cys Pro Cys Ala
420 425 430

Tyr Pro Leu Glu Ala Met Asp Ser Pro Val Ser Leu Gln Asp Glu His
435 440 445

Gln Gly Arg Ser Phe Arg Trp Arg Asp Ala Ser Gly Pro Arg Glu Arg
450 455 460

Leu Asp Ile Tyr Gln Pro Thr Ala Arg Phe Cys Leu Arg Ser Met Leu
465 470 475 480

05.10.04

XPs.ST25.txt

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Leu Ala Ala Gln His Cys Cys Tyr Asp Glu
485 490 495

Asp Ser Arg Leu Leu Thr Arg Gly Lys Gly Ala Gly Met Pro Asn Leu
500 505 510

Ile Ser Thr Asp Phe Ser Pro Lys Leu His Phe Lys Phe Asp Thr Thr
515 520 525

Pro Trp Ile Leu Cys Lys Gly Asp Trp Ser Arg Leu His Ala Val Leu
530 535 540

Pro Pro Asn Asn Gly Arg Ala Cys Thr Asp Asn Pro Leu Glu Glu Glu
545 550 555 560

Tyr Leu Ala Gln Leu Gln Glu Ala Lys Glu Tyr
565 570

<210> 229
<211> 599
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (143)..(508)
<223>

<400> 229
agtgtctggga aacagtgtcta agaaggatac agtggctaga agtcgtcctg tcgtcctgcc 60
tcacagtaac atcgttaccg aattctcagc aggtgaacca aatgaaatgg tcaactgaaa 120
gcccaaccagg caaaaaatca cc atg tac caa cct atc caa act tat cca tgg 172
Met Tyr Gln Pro Ile Gln Thr Tyr Pro Trp
1 5 10

atg aat cta tcc aga aga cgg gag ttc cga tgc ttg tct tgc tct gaa 220
t Asn Leu Ser Arg Arg Arg Glu Phe Arg Cys Leu Ser Cys Ser Glu
15 20 25

tgt ctg ctt gtc acc tgc tta ggg tta tgc act gtg att ctg gga ctc 268
Cys Leu Leu Val Thr Cys Leu Gly Leu Ser Thr Val Ile Leu Gly Leu
30 35 40

att gtt gtt cta cag gac ccc tct gac tct gtg gtt ttc tct act gga 316
Ile Val Val Leu Gln Asp Pro Ser Asp Ser Val Val Phe Ser Thr Gly
45 50 55

tta aca atg ata gcc ata ggt gct ttt ttt gtt gtc ctc act gga gtg 364
Leu Thr Met Ile Ala Ile Gly Ala Phe Phe Val Val Leu Thr Gly Val
60 65 70

aca gcc ctg tgt acg gtt aca gtc gac gag aac ttg cag aaa acc acg 412
Thr Ala Leu Cys Thr Val Thr Val Asp Glu Asn Leu Gln Lys Thr Thr
75 80 85 90

agg cta aga cta gga gtg ata cga aaa agc gga agt ctc caa gga act 460
Arg Leu Arg Leu Gly Val Ile Arg Lys Ser Gly Ser Leu Gln Gly Thr
95 100 105

Seite 351

05.10.04

XPs.ST25.txt

aca gag cct tcc atg act cac tca ata atc gct agc acc tcg ctg tag 508
Thr Glu Pro Ser Met Thr His Ser Ile Ile Ala Ser Thr Ser Leu
110 115 120

ttgtacattg aaccctggca tcttcgtctt tggaactaag tctcctgagc attgttttta 568

aatagaaata aaatctggct tttaaaaaaa c 599

<210> 230
<211> 121
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 230

Met Tyr Gln Pro Ile Gln Thr Tyr Pro Trp Met Asn Leu Ser Arg Arg
1 5 10 15

Arg Glu Phe Arg Cys Leu Ser Cys Ser Glu Cys Leu Leu Val Thr Cys
20 25 30

Leu Gly Leu Ser Thr Val Ile Leu Gly Leu Ile Val Val Leu Gln Asp
35 40 45

Pro Ser Asp Ser Val Val Phe Ser Thr Gly Leu Thr Met Ile Ala Ile
50 55 60

Gly Ala Phe Phe Val Val Leu Thr Gly Val Thr Ala Leu Cys Thr Val
65 70 75 80

Thr Val Asp Glu Asn Leu Gln Lys Thr Thr Arg Leu Arg Leu Gly Val
85 90 95

Ile Arg Lys Ser Gly Ser Leu Gln Gly Thr Thr Glu Pro Ser Met Thr
100 105 110

His Ser Ile Ile Ala Ser Thr Ser Leu
115 120

<210> 231
<211> 956
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (626)..(910)
<223>

<400> 231
agaggaagg agtctctaaa atctcttctt cagaaggcac ctcaattctc agacttaaaa 60

ttccacatca agtgttccat taaaagaaga taaggcattc tgagtgc aaaatggggg 120

cttcttaa ac tacacaccag cagtcagtga ggaaaacttt gaacaattat tgagttgctt 180

tcttgggtct ctataatcaa taacctgtct gcagatatct atctatataa agatattata 240

06.10.04

XP5.ST25.txt

tatatacctta	aatgtaatat	ttacaaaaata	aaactgtgat	ctcgtctaga	gaaaatgtat		300
tcatattaca	aactgctctt	ccatatttat	gtaccatatt	ataccttttt	attattgtta		360
taattattat	gggtatttct	aattaatatg	atgttgaaac	ctgtttggca	ccttctggaa		420
gctacaaaa	aatgacact	ccattgaagt	gcttaaaagc	tgttctcata	agaattcttc		480
tggcctattg	taaaaaagaa	aaaaaaaaaag	aaaaagaaga	aagacacaaa	gaaaataatc		540
taaacacca	aaactaaaca	caattccaat	cctttttctg	tacctcacgc	gcataaattt		600
gctgctccta	tttttttttc	tgttt	atg tgt ttt tat	gga tct aag tta aat		652	
			Met Cys Phe Tyr	Gly Ser Lys Leu Asn			
			1	5			
ctt ttg gca ata tat aaa aat gta aat agt aaa ctt tat tta tta aga						700	
Leu Leu Ala Ile Tyr Lys Asn Val Asn Ser Lys Leu Tyr Leu Leu Arg							
10						25	
atg tca tct ttt tta att tat att tac aca att gtt cat cta att tat						748	
Met Ser Ser Phe Leu Ile Tyr Ile Tyr Thr Ile Val His Leu Ile Tyr							
						40	
ctt ttc tat aca gtt tta aat act cag aca tat ttt gct gtt cat gat						796	
Phe Phe Tyr Thr Val Leu Asn Thr Gln Thr Tyr Phe Ala Val His Asp							
						55	
att ttt atc ctg ttc tca tgg att tgt ttt ccc ata ctg ttt tct ctg						844	
Ile Phe Ile Leu Phe Ser Trp Ile Cys Phe Pro Ile Leu Phe Ser Leu							
						60	
						65	
						70	
atc tca att aca ggt tgg atc tca caa ata ata atg tca gag aca gaa						892	
Ile Ser Ile Thr Gly Trp Ile Ser Gln Ile Ile Met Ser Glu Thr Glu							
						75	
						80	
						85	
ata ttt tgc cac tgt tga ttactatact ttaaagttct atattatgaa						940	
Ile Phe Cys His Cys							
90							
aatatataat agcttg						956	

```
<210> 232
<211> 94
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 232
```

Met Cys Phe Tyr Gly Ser Lys Leu Asn Leu Leu Ala Ile Tyr Lys Asn
1 5 10 15

Val Asn Ser Lys Leu Tyr Leu Leu Arg Met Ser Ser Phe Leu Ile Tyr
20 25 30

Ile Tyr Thr Ile Val His Leu Ile Tyr Phe Phe Tyr Thr Val Leu Asn
35 40 45

Thr Gln Thr Tyr Phe Ala Val His Asp Ile Phe Ile Leu Phe Ser Trp
50 55 60

Ile Cys Phe Pro Ile Leu Phe Ser Leu Ile Ser Ile Thr Gly Trp Ile
65 70 75 80

05.10.04

XPs.ST25.txt

Ser Gln Ile Ile Met Ser Glu Thr Glu Ile Phe Cys His Cys
85 90

<210> 233
<211> 1321
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (45)..(980)
<223>

<400> 233
cagtgccag gcaagcccag gagttgacat ttctctgccc agcc atg ggc ctc acc 56
Met Gly Leu Thr
1
ctg ctc ttg ctg ctg ctc ctg gga cta gaa ggt cag ggc ata gtt ggc 104
Leu Leu Leu Leu Leu Leu Leu Gly Leu Glu Gly Gln Gly Ile Val Gly
10 15 20
agc ctc cct gag gtg ctg cag gca ccc gtg gga agc tcc att ctg gtg 152
Ser Leu Pro Glu Val Leu Gln Ala Pro Val Gly Ser Ser Ile Leu Val
25 30 35
cag tgc cac tac agg ctc cag gat gtc aaa gct cag aag gtg tgg tgc 200
Gln Cys His Tyr Arg Leu Gln Asp Val Lys Ala Gln Lys Val Trp Cys
40 45 50
cgg ttc ttg ccg gag ggg tgc cag ccc ctg gtg tcc tca gct gtg gat 248
Arg Phe Leu Pro Glu Gly Cys Gln Pro Leu Val Ser Ser Ala Val Asp
55 60 65
cgc aga gct cca gcg ggc agg cgt acg ttt ctc aca gac ctg ggt ggc 296
Arg Arg Ala Pro Ala Gly Arg Arg Thr Phe Leu Thr Asp Leu Gly Gly
70 75 80
ggc ctg ctg cag gtg gaa atg gtt acc ctg cag gaa gag gat gct ggc 344
Gly Leu Leu Gln Val Glu Met Val Thr Leu Gln Glu Glu Asp Ala Gly
85 90 95 100
g tat ggc tgc atg gtg gat ggg gcc agg ggg ccc cag att ttg cac 392
u Tyr Gly Cys Met Val Asp Gly Ala Arg Gly Pro Gln Ile Leu His
105 110 115
aga gtc tct ctg aac ata ctg ccc cca gag gaa gaa gaa gag acc cat 440
Arg Val Ser Leu Asn Ile Leu Pro Pro Glu Glu Glu Glu Glu Thr His
120 125 130
aag att ggc agt ctg gct gag aac gca ttc tca gac cct gca ggc agt 488
Lys Ile Gly Ser Leu Ala Glu Asn Ala Phe Ser Asp Pro Ala Gly Ser
135 140 145
gcc aac cct ttg gaa ccc agc cag gat gag aag agc atc ccc ttg atc 536
Ala Asn Pro Leu Glu Pro Ser Gln Asp Glu Lys Ser Ile Pro Leu Ile
150 155 160
tgg ggt gct gtg ctc ctg gta ggt ctg ctg gtg gca gcg gtg gtg ctg 584
Trp Gly Ala Val Leu Leu Val Gly Leu Leu Val Ala Ala Val Val Leu
165 170 175 180
ttt gct gtg atg gcc aag agg aaa caa ggg aac agg ctt ggt gtc tgt 632
Phe Ala Val Met Ala Lys Arg Lys Gln Gly Asn Arg Leu Gly Val Cys
185 190 195

05.10.04

XPs.ST25.txt

```

ggc cga ttc ctg agc agc aga gtt tca ggc atg aat ccc tcc tca gtg      680
Gly Arg Phe  Leu Ser Ser Arg Val Ser Gly Met Asn Pro Ser Val
                200                205                210

gtc cac cac gtc agt gac tct gga ccg gct gct gaa ttg cct ttg gat      728
Val His  His Val Ser Asp Ser Gly Pro Ala Ala Glu Leu Pro Leu Asp
                215                220                225

gta cca cac att agg ctt gac tca cca cct tca ttt gac aat acc acc      776
Val Pro His Ile Arg Leu Asp Ser Pro Pro Ser Phe Asp Asn Thr Thr
                230                235                240

tac acc agc cta cct ctt gat tcc cca tca gga aaa cct tca ctc cca      824
Tyr Thr Ser Leu Pro Leu Asp Ser Pro Ser Gly Lys Pro Ser Leu Pro
245                250                255                260

gct cca tcc tca ttg ccc cct cta cct cct aag gtc ctg gtc tgc tcc      872
Ala Pro Ser Ser Leu Pro Pro Leu Pro Pro Lys Val Leu Val Cys Ser
                265                270                275

aag cct gtg aca tat gcc aca gta atc ttc ccg gga ggg aac aag ggt      920
Lys Pro Val Thr Tyr Ala Thr Val Ile Phe Pro Gly Gly Asn Lys Gly
                280                285                290

gga ggg acc tcg tgt ggg cca gcc cag aat cca cct aac aat cag act      968
Gly Gly Thr Ser Cys Gly Pro Ala Gln Asn Pro Pro Asn Asn Gln Thr
                295                300                305

cca tcc agc taa gctgctcatc acactttaaa ctcatgagga ccatccctag      1020
Pro Ser Ser
310

gggttctgtg catccatcca gccagctcat gccctaggat ccttaggata tctgagcaac      1080
cagggaacttt aagatctaata ccaatgtcct aactttacta gggaaagtga cgctcagaca      1140
tgactgagat gtcttgggga agacctccct gcacccaact cccccactgg ttcttctacc      1200
attacacact gggctaaata aaccctaata atgatgtgca aactcttaata ggctgaatgg      1260
gaaaggaaac tgcccaagtt tgactaattg cttggcctgt gaatggaaaa gactctggtc      1320
t                                                                 1321

```

```

<10> 234
<11> 311
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 234

```

```

Met Gly Leu Thr Leu Leu Leu Leu Leu Leu Leu Gly Leu Glu Gly Gln
1          5          10          15

Gly Ile Val Gly Ser Leu Pro Glu Val Leu Gln Ala Pro Val Gly Ser
20          25          30

Ser Ile Leu Val Gln Cys His Tyr Arg Leu Gln Asp Val Lys Ala Gln
35          40          45

Lys Val Trp Cys Arg Phe Leu Pro Glu Gly Cys Gln Pro Leu Val Ser
50          55          60

```


05.10.04

XP5.ST25.txt

Ser Ala Val Asp Arg Arg Ala Pro Ala Gly Arg Arg Thr Phe Leu Thr
65 70 75 80

Asp Leu Gly Gly Gly Leu Leu Gln Val Glu Met Val Thr Leu Gln Glu
85 90 95

Glu Asp Ala Gly Glu Tyr Gly Cys Met Val Asp Gly Ala Arg Gly Pro
100 105 110

Gln Ile Leu His Arg Val Ser Leu Asn Ile Leu Pro Pro Glu Glu Glu
115 120 125

Glu Glu Thr His Lys Ile Gly Ser Leu Ala Glu Asn Ala Phe Ser Asp
130 135 140

Pro Ala Gly Ser Ala Asn Pro Leu Glu Pro Ser Gln Asp Glu Lys Ser
145 150 155 160

Ile Pro Leu Ile Trp Gly Ala Val Leu Leu Val Gly Leu Leu Val Ala
165 170 175

Ala Val Val Leu Phe Ala Val Met Ala Lys Arg Lys Gln Gly Asn Arg
180 185 190

Leu Gly Val Cys Gly Arg Phe Leu Ser Ser Arg Val Ser Gly Met Asn
195 200 205

Pro Ser Ser Val Val His His Val Ser Asp Ser Gly Pro Ala Ala Glu
210 215 220

Leu Pro Leu Asp Val Pro His Ile Arg Leu Asp Ser Pro Pro Ser Phe
225 230 235 240

Asp Asn Thr Thr Tyr Thr Ser Leu Pro Leu Asp Ser Pro Ser Gly Lys
245 250 255

Pro Ser Leu Pro Ala Pro Ser Ser Leu Pro Pro Leu Pro Pro Lys Val
260 265 270

Leu Val Cys Ser Lys Pro Val Thr Tyr Ala Thr Val Ile Phe Pro Gly
275 280 285

Gly Asn Lys Gly Gly Gly Thr Ser Cys Gly Pro Ala Gln Asn Pro Pro
290 295 300

Asn Asn Gln Thr Pro Ser Ser
305 310

<210> 235
<211> 3874
<212> DNA

05.10.04

<213> Homo sapiens

XP.S.T25.txt

<220>

<221> CDS

<222> (214)..(1719)

<223>

<400> 235

```

gagaactggg gcggcgcggc gcggcgcggt gcatttccag gcgctgctct ccgtcgcaga      60
gaaccttgag ctcggcgcg cagagatccc agcagggcaa gggggcgcg cgctcctggtc      120
ctcgagcttg ggagacagat gcgcatgggc gtgggggcat gcggacctaa gctcgggtga      180
agctctcggg aagggcaaga ctgcggcgac gag atg cga gca gag gag ccc tgc      234
                               Met Arg Ala Glu Glu Pro Cys
                               1                               5

gcc ccc ggg gcc ccc agc gcc ctg gga gcc cag cgc acg ccg ggc ccc      282
Ala Pro Gly Ala Pro Ser Ala Leu Gly Ala Gln Arg Thr Pro Gly Pro
                               10                               15                               20

gag ctg cgc ctg tcc agc cag ctg ctg ccc gag ctc tgt acc ttc gtg      330
Leu Arg Leu Ser Ser Gln Leu Leu Pro Glu Leu Cys Thr Phe Val
                               25                               30                               35

gtg cgc gtg ctg ttc tac ctg ggg cct gtc tac cta gct ggc tac ctg      378
Val Arg Val Leu Phe Tyr Leu Gly Pro Val Tyr Leu Ala Gly Tyr Leu
                               40                               45                               50                               55

ggg ctc agc ata acc tgg ttg ctg ctc ggc gcc ctg ctg tgg atg tgg      426
Gly Leu Ser Ile Thr Trp Leu Leu Leu Gly Ala Leu Leu Trp Met Trp
                               60                               65                               70

tgg cgc agg aac cgc cgc ggg aag ctt ggg cgc ctg gcc gcc gcc ttc      474
Trp Arg Arg Asn Arg Arg Gly Lys Leu Gly Arg Leu Ala Ala Ala Phe
                               75                               80                               85

gaa ttc ctt gac aat gaa cgc gag ttc atc agc cgc gag ctg cgg ggc      522
Glu Phe Leu Asp Asn Glu Arg Glu Phe Ile Ser Arg Glu Leu Arg Gly
                               90                               95                               100

cag cac ctg cca gcc tgg atc cac ttc ccg gac gtg gag cgg gtc gag      570
Gln His Leu Pro Ala Trp Ile His Phe Pro Asp Val Glu Arg Val Glu
                               105                               110                               115

g gcc aac aag atc atc tct cag acc tgg ccc tac cta agc atg atc      618
p Ala Asn Lys Ile Ile Ser Gln Thr Trp Pro Tyr Leu Ser Met Ile
                               120                               125                               130                               135

atg gaa agc aag ttc cgg gag aaa ctt gag ccc aag atc cga gag aag      666
Met Glu Ser Lys Phe Arg Glu Lys Leu Glu Pro Lys Ile Arg Glu Lys
                               140                               145                               150

agc atc cac ctg agg acc ttt acc ttt acc aag ctc tac ttt gga cag      714
Ser Ile His Leu Arg Thr Phe Thr Phe Thr Lys Leu Tyr Phe Gly Gln
                               155                               160                               165

aag tgt ccc agg gtc aac ggt gtc aag gca cac act aat acg tgc aac      762
Lys Cys Pro Arg Val Asn Gly Val Lys Ala His Thr Asn Thr Cys Asn
                               170                               175                               180

cga aga cgt gtg act gtg gac ctg cag atc tgc tac atc ggg gac tgt      810
Arg Arg Arg Val Thr Val Asp Leu Gln Ile Cys Tyr Ile Gly Asp Cys
                               185                               190                               195

gag atc agt gtg gag ctg cag aag att cag gct ggt gtg aac ggg atc      858
Glu Ile Ser Val Glu Leu Gln Lys Ile Gln Ala Gly Val Asn Gly Ile

```

05.10.04

XPs.ST25.txt

200	205	210	215	
cag ttg cag ggc acc ctg cgg gtc atc ctg gag ccc ctc cta gtg gac Gln Leu Gln Gly Thr 220 Leu Arg Val Ile Leu Glu Pro Leu Leu Val Asp				906
aag ccc ttt gtg gga gcc gtg act gtg ttc ttc ctt cag aag cag cac Lys Pro Phe Val Gly Ala Val Thr Val Phe Phe Leu Gln Lys 245 Gln His				954
cta cag atc aac tgg act ggc ctg acc aac ctg ctg gat gcg ccg gga Leu Gln Ile Asn Trp Thr Gly Leu Thr Asn Leu Leu Asp Ala Pro Gly				1002
atc aat gat gtg tca gac agc tta ctg gag gac ctc att gcc acc cac Ile Asn Asp Val Ser Asp Ser 270 Leu Leu Glu Asp Leu Ile Ala Thr His				1050
ctg gtg ctg ccc aac cgt gtg act gtg cct gtg aag aag ggg ctg gat Leu Val Leu Pro Asn Arg Val Thr Val Pro Val Lys Lys Gly Leu Asp				1098
ctg acc aac ctg cgc ttc cct ctg ccc tgt ggg gtg atc aga gtg cac Leu Thr Asn Leu Arg Phe Pro Leu Pro Cys Gly Val Ile Arg Val His				1146
ttg ctg gag gca gag cag ctg gcc cag aag gac aac ttt ctg ggg ctc Leu Leu Glu Ala Gly Gln Leu Ala Gln Lys Asp Asn Phe Leu Gly Leu				1194
cga ggc aag tca gat ccc tac gcc aag gtg agc atc ggc cta cag cat Arg Gly Lys Ser Asp Pro Tyr Ala Lys Val Ser Ile Gly Leu Gln His				1242
ttc cgg agt agg acc atc tac agg aac ctg aac ccc acc tgg aac gaa Phe Arg Ser Arg Thr Ile Tyr 350 Arg Asn Leu Asn Pro Thr Trp Asn Glu				1290
gtg ttt gag ttc atg gtg tac gaa gtc cct gga cag gac ctg gag gta Val Phe Glu Phe Met Val Tyr Glu Val Pro Gly Gln Asp Leu Glu Val				1338
gac ctg tat gat gag gat acc gac agg gat gac ttc ctg ggc agc ctg Asp Leu Tyr Asp Glu Asp Thr Asp Arg Asp Asp Phe Leu Gly Ser Leu				1386
g atc tgc ctt gga gat gtc atg acc aac aga gtg gtg gat gag tgg n Ile Cys Leu Gly Asp Val Met Thr Asn Arg Val Val Asp Glu Trp				1434
ttt gtc ctg aat gac aca acc agc ggg cgg ctg cac ctg cgg ctg gag Phe Val Leu Asn Asp Thr Thr Ser Gly Arg Leu His Leu Arg Leu Glu				1482
tgg ctt tca ttg ctt act gac caa gaa gtt ctg act gag gac cat ggt Trp Leu Ser Leu Leu Thr Asp Gln Glu Val Leu Thr 435 Glu Asp His Gly				1530
ggc ctt tcc act gcc att ctc gtg gtc ttc ttg gag agt gcc tgc aac Gly Leu Ser Thr Ala Ile Leu Val Val Phe Leu Glu Ser Ala Cys Asn				1578
ttg ccg aga aac cct ttt gac tac ctg aat ggt gaa tat cga gcc aaa Leu Pro Arg Asn Pro Phe Asp Tyr Leu Asn Gly Glu Tyr Arg Ala Lys				1626
aaa ctc tcc agg ttt gcc aga gtg aaa caa ggt cag caa aga ccc ttc Lys Leu Ser Arg Phe Ala Arg Val Lys Gln Gly Gln Gln Arg Pro Phe				1674

05.10.04

XPs.ST25.txt

475

480

485

ttc cta tgt caa act atc tgt agg caa gaa gac aca tac aag taa	1719
Phe Leu Cys Gln Thr Ile Cys Arg Gln Glu Asp Thr Tyr Lys	
490 495 500	
gacctgtccc cacaacaagg accctgtgtg gagccagggtg ttctccttct ttgtgcacaa	1779
tgtggccact gagcggctcc atctgaagggt ttgatggaag aagggtcttt gaaacagagt	1839
taagagggttt ttaagccagg cgggctggga agcttgaagt gcaccttgag caggttctcc	1899
tggcagcggtt taaagtcagc cccttgtatg taagagagga cactgaggcc ccacaaggcc	1959
tcatctcctt aaggctagtg cctgagggtca ctgtatagggt ggatgtggga ggataaatcc	2019
tcaagtcctt tgactttccc tgcaaaagggt tctttatatt tgctacacag taccagagc	2079
agcctatcta cacaggacat taataatgggt gtactttaaa aaatatatgt ttcatttaat	2139
cttcacaaaa gatctgtaga gtaagcaaag agaggcaaaa acaatgtctt gtccaagatc	2199
tcatgaccaa caagtgggtgg agctgggatc ttttagggcc ctgagccctg cctggagagc	2259
cacagctc atcagtcctc aaagccccct ggctctgggc atttgacaga ctagctcata	2319
cagatcataa ttgcctctac tctgagtcac tatcttcctt gacagaagac aaggaccagg	2379
tctggcctga tcccattcta gttttcagaa taggaccaga tgcccataga agcacagtac	2439
agactgaagt aaacccaaac ttggctgggg ctgagatact agtagtggag tgggtggggct	2499
tggttatcct cttgttttgt gactggacca ctgcccagggt gcttgatgat gaccaggagt	2559
gtgctctggg aatgctggag gtccccctgt gccagatcct cccctatgct gacctcactc	2619
ttgagcagcg ctttcagctg gaccactcag gcctggacag cctcatctcc atgaggctgg	2679
tgcttgacagt tcctgcaagt ggaggaacga gagctgggga gcccatacac aggacctgaa	2739
gccctaaaga aaggccctct gctcatcaag aaagtggcta ccaaccagggt tcccaaagcc	2799
caacctcagg aagaaggccc tacagatttg ccatgtcccc cagaccctgc ttctgatact	2859
aaggacgtat ccaggagtac cacaaccacc accagtgtga ccaccgttgc cactgagccc	2919
atcccaag agacaggccc agagcctaaa ggcaaggaca gtgccaagg gttctgtgag	2979
cccatcgggg agaagaagag tccagccacc atcttcctga ctgtcccagg tccccactct	3039
ccagggccca tcaagtcacc cagacccatg aaatgccctg cctccccatt cgcattggccg	3099
cccaagaggc tggctcccag catgtcctcg ctcaactcct tggcctcttc ttgctttgac	3159
ctggcagata tcagcctcaa cattgagtat gcacctctct gcttaatctt ttctaaaatc	3219
gcctgtatga aaaatacctc gctggatgga aaagtagata tgaacttaca tttctgtgca	3279
agttgttttt tcacaaaata tcttcctaag aggagcatg gtgtggtaga aagaacacag	3339
gacaagggag agagagccaa acaggctgtt tatggctcta gctgcgtact gactataaaa	3399
tagatgctgg actctgggtg aggtggggac ctgaggcgac ggcagctggg tgagattcag	3459
ctcacagtgc gctatgtgtg tctgcggcgc tgcctcagcg tgctaataca tggctgcaga	3519
aacctaacac catgtaccag cagtggagct gatccctacg tccgtgtcta cttgttgcca	3579

05.10.04

XP_S.ST25.txt

gaaaggaagt gggcatgtcg taagaagact tcagtgaagc ggaagacctt ggaaccctg 3639
tttgatgaga catttgaatt ttttgttccc atggaagaag taaagaagag gtcactagat 3699
gttgacgtga aaaatagtag gccacttggc tcacacagaa gaaaggagtt aggaaaagta 3759
ctgattgact tatcaaaaga agatctgatt aagggtttt cacaatggta agtgtgcctt 3819
ttcattttat cactgttatc ctgctattca agacagtttt cccttttcag tactg 3874

<210> 236
<211> 501
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 236

Met Arg Ala Glu Glu Pro Cys Ala Pro Gly Ala Pro Ser Ala Leu Gly
1 5 10 15

Ala Gln Arg Thr Pro Gly Pro Glu Leu Arg Leu Ser Ser Gln Leu Leu
20 25 30

Pro Glu Leu Cys Thr Phe Val Val Arg Val Leu Phe Tyr Leu Gly Pro
35 40 45

Val Tyr Leu Ala Gly Tyr Leu Gly Leu Ser Ile Thr Trp Leu Leu Leu
50 55 60

Gly Ala Leu Leu Trp Met Trp Trp Arg Arg Asn Arg Arg Gly Lys Leu
65 70 75 80

Gly Arg Leu Ala Ala Ala Phe Glu Phe Leu Asp Asn Glu Arg Glu Phe
85 90 95

Ile Ser Arg Glu Leu Arg Gly Gln His Leu Pro Ala Trp Ile His Phe
100 105 110

Pro Asp Val Glu Arg Val Glu Trp Ala Asn Lys Ile Ile Ser Gln Thr
115 120 125

Trp Pro Tyr Leu Ser Met Ile Met Glu Ser Lys Phe Arg Glu Lys Leu
130 135 140

Glu Pro Lys Ile Arg Glu Lys Ser Ile His Leu Arg Thr Phe Thr Phe
145 150 155 160

Thr Lys Leu Tyr Phe Gly Gln Lys Cys Pro Arg Val Asn Gly Val Lys
165 170 175

Ala His Thr Asn Thr Cys Asn Arg Arg Arg Val Thr Val Asp Leu Gln
180 185 190

Ile Cys Tyr Ile Gly Asp Cys Glu Ile Ser Val Glu Leu Gln Lys Ile
195 200 205

05.10.04

XP5.ST25.txt

Gln Ala Gly Val Asn Gly Ile Gln Leu Gln Gly Thr Leu Arg Val Ile
210 215 220

Leu Glu Pro Leu Leu Val Asp Lys Pro Phe Val Gly Ala Val Thr Val
225 230 235 240

Phe Phe Leu Gln Lys Gln His Leu Gln Ile Asn Trp Thr Gly Leu Thr
245 250 255

Asn Leu Leu Asp Ala Pro Gly Ile Asn Asp Val Ser Asp Ser Leu Leu
260 265 270

Glu Asp Leu Ile Ala Thr His Leu Val Leu Pro Asn Arg Val Thr Val
275 280 285

Pro Val Lys Lys Gly Leu Asp Leu Thr Asn Leu Arg Phe Pro Leu Pro
290 295 300

Cys Gly Val Ile Arg Val His Leu Leu Glu Ala Glu Gln Leu Ala Gln
305 310 315 320

Lys Asp Asn Phe Leu Gly Leu Arg Gly Lys Ser Asp Pro Tyr Ala Lys
325 330 335

Val Ser Ile Gly Leu Gln His Phe Arg Ser Arg Thr Ile Tyr Arg Asn
340 345 350

Leu Asn Pro Thr Trp Asn Glu Val Phe Glu Phe Met Val Tyr Glu Val
355 360 365

Pro Gly Gln Asp Leu Glu Val Asp Leu Tyr Asp Glu Asp Thr Asp Arg
370 375 380

Asp Phe Leu Gly Ser Leu Gln Ile Cys Leu Gly Asp Val Met Thr
385 390 395 400

Asn Arg Val Val Asp Glu Trp Phe Val Leu Asn Asp Thr Thr Ser Gly
405 410 415

Arg Leu His Leu Arg Leu Glu Trp Leu Ser Leu Leu Thr Asp Gln Glu
420 425 430

Val Leu Thr Glu Asp His Gly Gly Leu Ser Thr Ala Ile Leu Val Val
435 440 445

Phe Leu Glu Ser Ala Cys Asn Leu Pro Arg Asn Pro Phe Asp Tyr Leu
450 455 460

Asn Gly Glu Tyr Arg Ala Lys Lys Leu Ser Arg Phe Ala Arg Val Lys
465 470 475 480

06.10.04

XPs.ST25.txt

Gln Gly Gln Gln Arg Pro Phe Phe Leu Cys Gln Thr Ile Cys Arg Gln
 485 490 495

Glu Asp Thr Tyr Lys
 500

<210> 237
 <211> 1020
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (82)..(966)
 <223>

<400> 237
 agacacagga cctgctgggc cacagaaagg aggctctggg tagacgcact agattactgg 60

aaatcact tcaatttccc a atg aat ttt ata ttg ttt att ttt ata cct 111
 Met Asn Phe Ile Leu Phe Ile Phe Ile Pro
 1 5 10

gga gtt ttt tcc tta aaa agt agc act ttg aag cct act att gaa gca 159
 Gly Val Phe Ser Leu Lys Ser Ser Thr Leu Lys Pro Thr Ile Glu Ala
 15 20 25

ttg cct aat gtg cta cct tta aat gaa gat gtt aat aag cag gaa gaa 207
 Leu Pro Asn Val Leu Pro Leu Asn Glu Asp Val Asn Lys Gln Glu Glu
 30 35 40

aag aat gaa gat cat act ccc aat tat gct cct gct aat gag aaa aat 255
 Lys Asn Glu Asp His Thr Pro Asn Tyr Ala Pro Ala Asn Glu Lys Asn
 45 50 55

ggc aat tat tat aaa gat ata aaa caa tat gtg ttc aca aca caa aat 303
 Gly Asn Tyr Tyr Lys Asp Ile Lys Gln Tyr Val Phe Thr Thr Gln Asn
 60 65 70

cca aat ggc act gag tct gaa ata tct gtg aga gcc aca act gac ctg 351
 Pro Asn Gly Thr Glu Ser Glu Ile Ser Val Arg Ala Thr Thr Asp Leu
 75 80 85 90

at ttt gct cta aaa aac gat aaa act gtc aat gca act aca tat gaa 399
 Asn Phe Ala Leu Lys Asn Asp Lys Thr Val Asn Ala Thr Thr Tyr Glu
 95 100 105

aaa tcc acc att gaa gaa gaa aca act act agc gaa ccc tct cat aaa 447
 Lys Ser Thr Ile Glu Glu Glu Thr Thr Ser Glu Pro Ser His Lys
 110 115 120

aat att caa aga tca acc cca aac gtg cct gca ttt tgg aca atg tta 495
 Asn Ile Gln Arg Ser Thr Pro Asn Val Pro Ala Phe Trp Thr Met Leu
 125 130 135

gct aaa gct ata aat gga aca gca gtg gtc atg gat gat aaa gat caa 543
 Ala Lys Ala Ile Asn Gly Thr Ala Val Val Met Asp Asp Lys Asp Gln
 140 145 150

tta ttt cac cca att cca gag tct gat gtg aat gct aca cag gga gaa 591
 Leu Phe His Pro Ile Pro Glu Ser Asp Val Asn Ala Thr Gln Gly Glu
 155 160 165 170

aat cag cca gat cta gag gat ctg aag atc aaa ata atg ctg gga atc 639
 seite 362

05.10.04

XPs.ST25.txt

Asn Gln Pro Asp Leu Glu Asp Leu Lys Ile Lys Ile Met Leu Gly Ile
 175 180 185

tcg ttg atg acc ctc ctc ctc ttt gtg gtc ctc ttg gca ttc tgt agt 687
 Ser Leu Met Thr Leu Leu Leu Phe Val Val Leu Leu Ala Phe Cys Ser
 190 195 200

gct aca ctg tac aaa ctg agg cat ctg agt tat aaa agt tgt gag agt 735
 Ala Thr Leu Tyr Lys Leu Arg His Leu Ser Tyr Lys Ser Cys Glu Ser
 205 210 215

cag tac tct gtc aac cca gag ctg gcc acg atg tct tac ttt cat cca 783
 Gln Tyr Ser Val Asn Pro Glu Leu Ala Thr Met Ser Tyr Phe His Pro
 220 225 230

tca gaa ggt gtt tca gat aca tcc ttt tcc aag agt gca gag agc agc 831
 Ser Glu Gly Val Ser Asp Thr Ser Phe Ser Lys Ser Ala Glu Ser Ser
 235 240 245 250

aca ttt ttg ggt acc act tct tca gat atg aga aga tca ggc aca aga 879
 Thr Phe Leu Gly Thr Thr Ser Ser Asp Met Arg Arg Ser Gly Thr Arg
 255 260 265

ca tca gaa tct aag ata atg acg gat atc att tcc ata ggc tca gat 927
 r Ser Glu Ser Lys Ile Met Thr Asp Ile Ile Ser Ile Gly Ser Asp
 270 275 280

aat gag atg cat gaa aac gat gag tcg gtt acc cgg tga agaaatcaag 976
 Asn Glu Met His Glu Asn Asp Glu Ser Val Thr Arg
 285 290

gaacccggtg aagaaatctt attgatgaat aaataacttt aatt 1020

<210> 238
 <211> 294
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 238

Met Asn Phe Ile Leu Phe Ile Phe Ile Pro Gly Val Phe Ser Leu Lys
 1 5 10 15

Ser Ser Thr Leu Lys Pro Thr Ile Glu Ala Leu Pro Asn Val Leu Pro
 20 25 30

Leu Asn Glu Asp Val Asn Lys Gln Glu Glu Lys Asn Glu Asp His Thr
 35 40 45

Pro Asn Tyr Ala Pro Ala Asn Glu Lys Asn Gly Asn Tyr Tyr Lys Asp
 50 55 60

Ile Lys Gln Tyr Val Phe Thr Thr Gln Asn Pro Asn Gly Thr Glu Ser
 65 70 75 80

Glu Ile Ser Val Arg Ala Thr Thr Asp Leu Asn Phe Ala Leu Lys Asn
 85 90 95

Asp Lys Thr Val Asn Ala Thr Thr Tyr Glu Lys Ser Thr Ile Glu Glu
 100 105 110

05.10.04

XP5.ST25.txt

Glu Thr Thr Thr Ser Glu Pro Ser His Lys Asn Ile Gln Arg Ser Thr
115 120 125

Pro Asn Val Pro Ala Phe Trp Thr Met Leu Ala Lys Ala Ile Asn Gly
130 135 140

Thr Ala Val Val Met Asp Asp Lys Asp Gln Leu Phe His Pro Ile Pro
145 150 155 160

Glu Ser Asp Val Asn Ala Thr Gln Gly Glu Asn Gln Pro Asp Leu Glu
165 170 175

Asp Leu Lys Ile Lys Ile Met Leu Gly Ile Ser Leu Met Thr Leu Leu
180 185 190

Leu Phe Val Val Leu Leu Ala Phe Cys Ser Ala Thr Leu Tyr Lys Leu
195 200 205

Arg His Leu Ser Tyr Lys Ser Cys Glu Ser Gln Tyr Ser Val Asn Pro
210 215 220

Glu Leu Ala Thr Met Ser Tyr Phe His Pro Ser Glu Gly Val Ser Asp
225 230 235 240

Thr Ser Phe Ser Lys Ser Ala Glu Ser Ser Thr Phe Leu Gly Thr Thr
245 250 255

Ser Ser Asp Met Arg Arg Ser Gly Thr Arg Thr Ser Glu Ser Lys Ile
260 265 270

Met Thr Asp Ile Ile Ser Ile Gly Ser Asp Asn Glu Met His Glu Asn
275 280 285

Asp Glu Ser Val Thr Arg
290

<210> 239
<211> 2765
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1985)..(2260)
<223>

<400> 239	
tactgatcta tttctgtgcc aataccacct actgtaactt taaaataggt ttttgtttat	60
accaagtaag aataagttac cattatTTTT ccattaattt tttttttttt ttttgagaca	120
aggtctcact ctgtcactct gttgcccagg ctggagtgca gtggcatgat ctcagctcac	180
tgtaacctct gcctccctgc ttcaagctat tctccacct catcctccc agtaactggg	240

XPs.ST25.txt

```

actacagatg cgtgccacca cacctgacta atctttatat ttttagtaga gagggggggtt 300
tcaccgtggt ggccaggcta gtctcgagct cgtgacctca cgtgatcctc ccgtctccgc 360
ctcccaaagt gctggaatta ctggcatgag ccaccgaggc tggcctgagt attctagttt 420
ataacttaca aggtcattca tatgtatatg ttgttgtgct tgtctagcta ttttatattt 480
tgttattctg aactcttggc ctctatctca gctccagccc ctgaaagtgc aggagtgcctt 540
ttgctctgcc agtcggcctt ttttgggaaa tcatatcaag atggcctttc cagcacaatt 600
acttcctaga gtgtctgctt gatgcatgga aactcataga tttttggcat gccaaacaga 660
gggttttctt gccgtcactg ctggctccag ccacagactt cagttttctt acctgttaga 720
gcctttgtcc tctgactggg ggaaatggag ctgtcttctt tttgttttgc ctgccactag 780
tctggcagcc tccacctctt gaccttggg tttcttatcc ttggaatcag atacgaggcc 840
ctgtgtcttc tgttgcgtga gaggacacaa gtcataattct ctgagtggag atctctctga 900
gctcctctt tccaggcttg tactgagggg cctctggacc ctctaccacg tgggtgtcaaa 960
tgccaaga gctgtcatat gctgggtctg taaattgact ttctcacctc tgaccagatg 1020
cattcacttg agcggcacag agatttgggg gagtgaaagg gcactgtttc tttgggtccg 1080
tggtgtgtg tcccatcccc tagccttggg gttagcagga ttcagaattt atgagtgtgg 1140
tctgcaaaag tctacctcta ccagatgggg gagaacctag tgtgtggacc tgaagggtta 1200
gctctgtgct ttagtccctg ggagtggcca tcttgagtct tgggtgggctt ggcaagtaag 1260
gagacattga ccagattcaa agcttccaga ggtgggtgaga actccagggc cgagtaatgg 1320
agagtacaaa ggtccttctt ggcccccatg acccttccaa gccagaact tggcagtagc 1380
tgtgagaagc agagataggg agaggaggtg aggggcacct atagctctta gccatgagtt 1440
atgactccct ccatccaagg gagaccaag gacatgaaag gggactcagt tccaaggatc 1500
agaggggaact tgggttgttt tgggataatg actgtggctt gggatgtcac ggagatgaac 1560
accagaattg gtgtgcaaca gatgagctcc agtaccctg atagtttgca tgggttttgc 1620
tgctgatg atggtcaggg acagcagtga ggccctctac aatgccgcct tctgcctaaa 1680
cacaggcagt gccacaaaaa ggggagctgt cattatggag cctaggaatg gatagtcaga 1740
gagcagcggc tgggcagtgc aactcctgca ttggacaagg tcctggctag agaattgtcaa 1800
tgtccacact gcatgtagcc ctatcgagga gatgatgtag ggggctgtca gccttgagga 1860
ctctagccta agtaccacac caccactctg gctggcttcc aagggcacaa atcagctttc 1920
tgaatctgac ttggcttctt gtgatctgca ttcatgaaca ttcttactag agttctcatg 1980
gaaa atg aat aca caa cta ttt ggt ctg aat gtg tct gag ttt ggt gtc 2029
Met Asn Thr Gln Leu Phe Gly Leu Asn Val Ser Glu Phe Gly Val
1 5 10 15
tcc aaa aca att ctc tgg att aga tgg aga atg aag aaa ctt cac aaa 2077
Ser Lys Thr Ile Leu Trp Ile Arg Trp Arg Met Lys Lys Leu His Lys
20 25 30
ggc aaa agg aca ggt ccc cat ctc gac ccc cag aga cca ctt ctc aga 2125
Gly Lys Arg Thr Gly Pro His Leu Asp Pro Gln Arg Pro Leu Leu Arg

```

06.10.04

XPS.ST25.txt

35	40	45	
gtc tct atc tgt tgc tct ctg gtg tta gcc acg ttc ctt tac ttt ccc			2173
Val Ser Ile Cys Ser Ser Leu Val Leu Ala Thr Phe Leu Tyr Phe Pro	50	55	60
tca ttt ctg tgg cca ctc ctg tgg ctt cct ctc ttt caa cct gca ggc			2221
Ser Phe Leu Trp Pro Leu Leu Trp Leu Pro Leu Phe Gln Pro Ala Gly	65	70	75
tgc tgc tgc cct gcc tca gac cct tgt agg ctt ctg tag agatgctact			2270
Cys Cys Cys Pro Ala Ser Asp Pro Cys Arg Leu Leu	80	85	90
cagatggggg tggagctaga tgcagagctg aaaccacact aggagatcta gcttggagag			2330
cttgtgaatc ttaggagagc taggcataga atgactaaag tttgtcaccg catgagataa			2390
aataaatgaa aagccacttc tggagggaat gaggcagtct gcctttattg gagagataca			2450
tattgttgaa cagctctggg cagttgattg tgtgcctggg agagctaacc atgtttactc			2510
tacacttgac ctgtgatggt ctgtattgat tgtatcacac gcttagcttt ctaaggctaa			2570
agggtcadc gtcctcagtc cctgcctgca actagggtgc caactggccc ttgatttccc			2630
acccaacttg ttcagtttgc cctcaatcct ggggcctcac taatttccca aaaagatatg			2690
gttggtacca cctgtagttt gctgttgcac gttaacctga cttttgggaa actcaaataa			2750
acacttttca aacgc			2765

<210> 240
 <211> 91
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 240

Met Asn Thr Gln Leu Phe Gly Leu Asn Val Ser Glu Phe Gly Val Ser
 1 5 10 15

Lys Thr Ile Leu Trp Ile Arg Trp Arg Met Lys Lys Leu His Lys Gly
 20 25 30

Lys Arg Thr Gly Pro His Leu Asp Pro Gln Arg Pro Leu Leu Arg Val
 35 40 45

Ser Ile Cys Ser Ser Leu Val Leu Ala Thr Phe Leu Tyr Phe Pro Ser
 50 55 60

Phe Leu Trp Pro Leu Leu Trp Leu Pro Leu Phe Gln Pro Ala Gly Cys
 65 70 75 80

Cys Cys Pro Ala Ser Asp Pro Cys Arg Leu Leu
 85 90

<210> 241
 <211> 309
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

05.10.04

XPs.ST25.txt

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(309)
<223>

<400> 241
atg acc aca gcc acc cct ctg ggg gat acc acc ttc ttc tca ctg aac 48
Met Thr Thr Ala Thr Pro Leu Gly Asp Thr Thr Phe Phe Ser Leu Asn
1 5 10 15
atg acc acc agg gga gaa gac ttc ctg tat aag agt tct gga gcc att 96
Met Thr Thr Arg Gly Glu Asp Phe Leu Tyr Lys Ser Ser Gly Ala Ile
20 25 30
gtt gct gcc gtt gtg gtg gtt gtc atc atc atc ttc acc gtg gtt ctg 144
Val Ala Ala Val Val Val Val Val Ile Ile Ile Phe Thr Val Val Leu
35 40 45
atc ctg ctg aag atg tac aac agg aaa atg agg acg agg cgg gaa cta 192
Ile Leu Leu Lys Met Tyr Asn Arg Lys Met Arg Thr Arg Arg Glu Leu
50 55 60
g ccc aag ggc ccc aag cca acc gcc cct tct gcc gtg ggc cca aac 240
u Pro Lys Gly Pro Lys Pro Thr Ala Pro Ser Ala Val Gly Pro Asn
65 70 75 80
agc aac ggc agc caa cac cca gca act gtg acc ttc agt cct gtt gac 288
Ser Asn Gly Ser Gln His Pro Ala Thr Val Thr Phe Ser Pro Val Asp
85 90 95
gtc cag gtg gag acg cga tga 309
Val Gln Val Glu Thr Arg
100

<210> 242
<211> 102
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 242
Met Thr Thr Ala Thr Pro Leu Gly Asp Thr Thr Phe Phe Ser Leu Asn
1 5 10 15
Met Thr Thr Arg Gly Glu Asp Phe Leu Tyr Lys Ser Ser Gly Ala Ile
20 25 30
Val Ala Ala Val Val Val Val Val Ile Ile Ile Phe Thr Val Val Leu
35 40 45
Ile Leu Leu Lys Met Tyr Asn Arg Lys Met Arg Thr Arg Arg Glu Leu
50 55 60
Glu Pro Lys Gly Pro Lys Pro Thr Ala Pro Ser Ala Val Gly Pro Asn
65 70 75 80
Ser Asn Gly Ser Gln His Pro Ala Thr Val Thr Phe Ser Pro Val Asp
85 90 95
Val Gln Val Glu Thr Arg

100

<210> 243
 <211> 624
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(624)
 <223>

<400> 243
 atg ggg gct gcc agt cct ctg ctg ggg ccc acg gtt gtc ctg tgc aaa 48
 Met Gly Ala Ala Ser Pro Leu Leu Gly Pro Thr Val Val Leu Cys Lys
 1 5 10 15
 gtg tca ctt gtg gct gga tcc atc atc tgg aat ccc tcg gcg tca acc 96
 Val Ser Leu Val Ala Gly Ser Ile Ile Trp Asn Pro Ser Ala Ser Thr
 20 25 30
 gat cat aca ccc tac ggc aag gat agg cac caa aac tac aca gga tcc 144
 As His Thr Pro Tyr Gly Lys Asp Arg His Gln Asn Tyr Thr Gly Ser
 35 40 45
 ctt cag agg gtc ctg ggc ttt cag agc ccc ccg agg ggc ctc tgg cgc 192
 Leu Gln Arg Val Leu Gly Phe Gln Ser Pro Pro Arg Gly Leu Trp Arg
 50 55 60
 tca ttc cag cca tct atc cct ttt ggc ttc acc atc ctg att caa gca 240
 Ser Phe Gln Pro Ser Ile Pro Phe Gly Phe Thr Ile Leu Ile Gln Ala
 65 70 75 80
 gtg ttc ctt ctc tat cag gcc tgg tgg ctg ttg ctt ggg gct ccc caa 288
 Val Phe Leu Leu Tyr Gln Ala Trp Trp Leu Leu Leu Gly Ala Pro Gln
 85 90 95
 gcc cct ctt ttc cag gaa cct tgc cac acc cgc acc tgc acc ctg tcc 336
 Ala Pro Leu Phe Gln Glu Pro Cys His Thr Arg Thr Cys Thr Leu Ser
 100 105 110
 ccg ctg gcc ctc cca cag ctg ctg cag cag gca cag cac gcc ctt gct 384
 Pro Leu Ala Leu Pro Gln Leu Leu Gln Gln Ala Gln His Ala Leu Ala
 115 120 125
 g cgc ttg cct cac cag ctc tct gct tgc ttt tct cac tcg tgt ttt 432
 Leu Arg Leu Pro His Gln Leu Ser Ala Cys Phe Ser His Ser Cys Phe
 130 135 140
 ctc tct gct ttc tct cca act gcc agc cga tcg ggt ggc acc gtt aca 480
 Leu Ser Ala Phe Ser Pro Thr Ala Ser Arg Ser Gly Gly Thr Val Thr
 145 150 155 160
 agg ttc aga cta tcc cga aat aaa agg act gga aat agc aaa ggc tat 528
 Arg Phe Arg Leu Ser Arg Asn Lys Arg Thr Gly Asn Ser Lys Gly Tyr
 165 170 175
 gca ttt gtg gag ttt gag tct gag tct gtt gcc gag ata gtt gct gaa 576
 Ala Phe Val Glu Phe Glu Ser Glu Ser Val Ala Glu Ile Val Ala Glu
 180 185 190
 aca atg aac aac tac ctg ttt gtt gga gtg tca ttt tat gcc acc tga 624
 Thr Met Asn Asn Tyr Leu Phe Val Gly Val Ser Phe Tyr Ala Thr
 195 200 205

<210> 244

06.10.04

XPs.ST25.txt

<211> 207
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 244

Met Gly Ala Ala Ser Pro Leu Leu Gly Pro Thr Val Val Leu Cys Lys
1 5 10 15

Val Ser Leu Val Ala Gly Ser Ile Ile Trp Asn Pro Ser Ala Ser Thr
20 25 30

His His Thr Pro Tyr Gly Lys Asp Arg His Gln Asn Tyr Thr Gly Ser
35 40 45

Leu Gln Arg Val Leu Gly Phe Gln Ser Pro Pro Arg Gly Leu Trp Arg
50 55 60

Ser Phe Gln Pro Ser Ile Pro Phe Gly Phe Thr Ile Leu Ile Gln Ala
70 75 80

Val Phe Leu Leu Tyr Gln Ala Trp Trp Leu Leu Leu Gly Ala Pro Gln
85 90 95

Ala Pro Leu Phe Gln Glu Pro Cys His Thr Arg Thr Cys Thr Leu Ser
100 105 110

Pro Leu Ala Leu Pro Gln Leu Leu Gln Gln Ala Gln His Ala Leu Ala
115 120 125

Leu Arg Leu Pro His Gln Leu Ser Ala Cys Phe Ser His Ser Cys Phe
130 135 140

Leu Ser Ala Phe Ser Pro Thr Ala Ser Arg Ser Gly Gly Thr Val Thr
145 150 155 160

G Phe Arg Leu Ser Arg Asn Lys Arg Thr Gly Asn Ser Lys Gly Tyr
165 170 175

Ala Phe Val Glu Phe Glu Ser Glu Ser Val Ala Glu Ile Val Ala Glu
180 185 190

Thr Met Asn Asn Tyr Leu Phe Val Gly Val Ser Phe Tyr Ala Thr
195 200 205

<210> 245
<211> 309
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(309)
<223>

05.10.04

XPs.ST25.txt

```

<400> 245
atg aag gag cgc gac gcg gcc ccg gcc gag cgg ggc aag ccg gcc acc      48
Met Lys Glu Arg Asp Ala Ala Pro Ala Glu Arg Gly Lys Pro Ala Thr
1          5          10          15

tac acc ggg gac aag aag gcg aag atg gcg gcc aag acc aac aag aag      96
Tyr Thr Gly Asp Lys Lys Ala Lys Met Ala Ala Lys Thr Asn Lys Lys
          20          25          30

tgg gtc cgg ctc gcc acc gtg ttc gcc tac gtg ctc tcc gtg tcg ctg      144
Trp Val Arg Leu Ala Thr Val Phe Ala Tyr Val Leu Ser Val Ser Leu
          35          40          45

gcc gcc atc gtg ctc gcc gtc tac tac agc ctc atc tgg cag ccg gcg      192
Ala Ala Ile Val Leu Ala Val Tyr Tyr Ser Leu Ile Trp Gln Pro Ala
          50          55          60

gcg cga ccg gcg cct ccg gag ccc cct gcg gac agc ccc ccg gcc ggg      240
Ala Arg Pro Ala Pro Pro Glu Pro Pro Ala Asp Ser Pro Pro Ala Gly
65          70          75          80

ccg ctc gag cgg cct ccg ggg ccg gac gag gac gaa gag gaa acg gcg      288
Pro Leu Glu Arg Pro Arg Gly Pro Asp Glu Asp Glu Glu Glu Thr Ala
          85          90          95

gcg gcg ccc ggg agt cgt tga      309
Ala Ala Pro Gly Ser Arg
          100

```

```

<210> 246
<211> 102
<212> PRT
<213> Homo sapiens

```

```

<400> 246
Met Lys Glu Arg Asp Ala Ala Pro Ala Glu Arg Gly Lys Pro Ala Thr
1          5          10          15

Tyr Thr Gly Asp Lys Lys Ala Lys Met Ala Ala Lys Thr Asn Lys Lys
          20          25          30

Pro Val Arg Leu Ala Thr Val Phe Ala Tyr Val Leu Ser Val Ser Leu
          35          40          45

Ala Ala Ile Val Leu Ala Val Tyr Tyr Ser Leu Ile Trp Gln Pro Ala
          50          55          60

Ala Arg Pro Ala Pro Pro Glu Pro Pro Ala Asp Ser Pro Pro Ala Gly
65          70          75          80

Pro Leu Glu Arg Pro Arg Gly Pro Asp Glu Asp Glu Glu Glu Thr Ala
          85          90          95

Ala Ala Pro Gly Ser Arg
          100

```

```

<210> 247
<211> 390
<212> DNA

```

05.10.04

XP_S.ST25.txt

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(390)

<223>

<400> 247

atg ttg gag aat gct tct tct agt ggt atc tgt ctg tac gct act ggt	48
Met Leu Glu Asn Ala Ser Ser Ser Gly Ile Cys Leu Tyr Ala Thr Gly	
1 5 10 15	
gcc tgg aac tgg ttg ata gat cca gag aca caa aag gtg tcc ttc ttc	96
Ala Trp Asn Trp Leu Ile Asp Pro Glu Thr Gln Lys Val Ser Phe Phe	
20 25 30	
aca tca tta tgg aat cat cca ttt ttt acc att agc tat atc act cta	144
Thr Ser Leu Trp Asn His Pro Phe Phe Thr Ile Ser Tyr Ile Thr Leu	
35 40 45	
ata ggc ttg ttc ttt gct gga ata cac aag aga gta gtt gca cca tca	192
Ile Gly Leu Phe Phe Ala Gly Ile His Lys Arg Val Val Ala Pro Ser	
50 55 60	
tta gct gct caa cgt caa acg ata tta gca gaa tac aat atg tct	240
Ile Ile Ala Ala Gln Arg Gln Thr Ile Leu Ala Glu Tyr Asn Met Ser	
65 70 75 80	
tgt gat gat aca gga aaa cta att ttg aaa cct agg cct cat gtt caa	288
Cys Asp Asp Thr Gly Lys Leu Ile Leu Lys Pro Arg Pro His Val Gln	
85 90 95	
tgc caa tct tca cta att gct att gga cgt aaa aca gcc ctt ctt cga	336
Cys Gln Ser Ser Leu Ile Ala Ile Gly Arg Lys Thr Ala Leu Leu Arg	
100 105 110	
ata agt gat aca gca aaa agc cat aaa gga ttc ctt ttg cag ttg gat	384
Ile Ser Asp Thr Ala Lys Ser His Lys Gly Phe Leu Leu Gln Leu Asp	
115 120 125	
atg taa	390
Met	

<210> 248

<211> 129

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 248

Met Leu Glu Asn Ala Ser Ser Ser Gly Ile Cys Leu Tyr Ala Thr Gly
1 5 10 15
Ala Trp Asn Trp Leu Ile Asp Pro Glu Thr Gln Lys Val Ser Phe Phe
20 25 30
Thr Ser Leu Trp Asn His Pro Phe Phe Thr Ile Ser Tyr Ile Thr Leu
35 40 45
Ile Gly Leu Phe Phe Ala Gly Ile His Lys Arg Val Val Ala Pro Ser
50 55 60

05.10.04

XP5.ST25.txt
Ile Ile Ala Ala Gln Arg Gln Thr Ile Leu Ala Glu Tyr Asn Met Ser
65 70 75 80

Cys Asp Asp Thr Gly Lys Leu Ile Leu Lys Pro Arg Pro His Val Gln
85 90 95

Cys Gln Ser Ser Leu Ile Ala Ile Gly Arg Lys Thr Ala Leu Leu Arg
100 105 110

Ile Ser Asp Thr Ala Lys Ser His Lys Gly Phe Leu Leu Gln Leu Asp
115 120 125

Met

<210> 249
<211> 2510
<2> DNA
<3> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (724)..(1218)
<223>

<400> 249
gacttttttaa taatagtcgt tctgactgat gtgaaatgga gtctctttgt ggttctgatt 60
tgcattctctg atgatgcatg atgttgacca gtttttaata tgtttgattga ctgcttgat 120
gtcttctttt aagaagtgtc tgttcatatc ctttgccctt tcgcttctat gcaccaataa 180
caccaggt gagagtcaaa ccaagaacac aatcctgact acagtagcca taaagaaaat 240
gaaatacctg ggaatacacc taatcaaaaa catgaaagca ctctctagag ggagaactac 300
aaaacattgc tgaaagaaat cagagatgat tctctgaaaa agaagtcaga ttagaaatga 360
ttctctgaaa aagaaatcat ctctgatttc tttcagcagt gtgttttttg tttgtttgtt 420
tttttgaga cagagtcttg ctctgtcgcc aaggctggag ggcaatggca tgatttcagc 480
ccactacaac ctctgtctcc tgggttcgag cgattctcct acctcagcct cccgagtagc 540
tgggattaca ggaggctgag aaaatgttag aaattggggg agacaagttt cccttagaga 600
gcaggaagtt actaagtagt cctggaaaga acatcagttg cagatgtgac ccctctgaga 660
ttaatatatc tgatgaaatg cctaaaaacta cagtttggaag agctctcagt atgaattctg 720
gaa atg caa agg aaa aga gtc tct tca act aag agt ctt tgc tgg gat 768
Met Gln Arg Lys Arg Val Ser Ser Thr Lys Ser Leu Cys Trp Asp
1 5 10 15
gga aga ttt ggg ccg tgt ggt gcc tca ggg aag ttc tgg tta cag aga 816
Gly Arg Phe Gly Pro Cys Gly Ala Ser Gly Lys Phe Trp Leu Gln Arg
20 25 30
aaa tgg cga gtc tct cag aga aga agc aag acc aag tct ggc cct gtc 864
Lys Trp Arg Val Ser Gln Arg Arg Ser Lys Thr Lys Ser Gly Pro Val
35 40 45
ctt ggt cat ctc aaa gcc atg ccg aag cat tca gtt att ctt ggt gtg 912
Seite 372

08.10.04

XPs.ST25.txt

Leu Gly His Leu Lys Ala Met Pro Lys His Ser Val Ile Leu Gly Val	
50 55 60	
cat tgg aag gca tcc agc tat ccc cat acc agc agc cag tca cca gat	960
His Trp Lys Ala Ser Ser Tyr Pro His Thr Ser Ser Gln Ser Pro Asp	
65 70 75	
gtg aat gtg gaa gca gaa gac cac ctc ctg ttg gtt ctt ctc ctc ttc	1008
Val Asn Val Glu Ala Glu Asp His Leu Leu Leu Val Leu Leu Leu Phe	
80 85 90 95	
ctt ctt ttt ctc ttt aga acg gcc acc att gaa gac cta gct tcc cat	1056
Leu Leu Phe Leu Phe Arg Thr Ala Thr Ile Glu Asp Leu Ala Ser His	
100 105 110	
ttt cca gac gtt ttc tct gaa att ctc tgc tgg cct gcc aag cca tat	1104
Phe Pro Asp Val Phe Ser Glu Ile Leu Cys Trp Pro Ala Lys Pro Tyr	
115 120 125	
gga ttc att ctg cca ctg agg agt cct tca gtg agg tcc ctc ttc cta	1152
Gly Phe Ile Leu Pro Leu Arg Ser Pro Ser Val Arg Ser Leu Phe Leu	
130 135 140	
gac aga gtg ggg agt agg agg gga aca gag agg aca tcc tct ctg	1200
Asp Arg Val Gly Ser Arg Arg Gly Thr Glu Arg Thr Ser Ser Leu	
145 150 155	
gct ctc cag tgc tct tag tgtctacagg ctcttaggca gccctgggccc	1248
Ala Leu Gln Cys Ser	
160	
ttggtttgat tacctcccct gggggatgct ggtcagaccc agaggttgtc aggaggtcag	1308
ctaccaggaa gatccatgat ctgggcattg gcagtgcctg ccaccacagc caggaagatg	1368
cctctgacct ggggtgcatct ccatcactcc ttagcagcag cctgcataac tggcaagaat	1428
cttggtatgat acaagagcca agaagggaca tttgagttgt gtcgcttaga taggaaaggg	1488
atccagggaa aatcaacagt aagtgaggat gagcagtgtc tcttggtttt cattgaggat	1548
agagtaagag attgagttta gattgcaaca gaaggaatta gtttagatac caggaagaac	1608
ttcctagcct gaagatttgt catagtgtct gctttctaga tatctgggaa agatttgata	1668
agttgttt gtgaatagaa aggaggatat gatgttttta ttggccattt tgcgggactc	1728
ctcgacttct tgctgctgtc tcttgaggat acattccaat tccatcctgg cgagatccaa	1788
gtgcttacgt actgtctcct tagctgcctt agagtaaacg atcatcagtt caatggacca	1848
aaatcacctt cagccatgtg gtttcttcat catcatggat ttcttttggt tgacaaacat	1908
tctggctctc agatgcaaaa agtcacactg ggaaatgaac tgtaagtggg gaaattagtt	1968
ttggtattta atttaaaact acatttatag tttttctctt ctcttctatg ttgcaatgaa	2028
tgtaaagtat ttgggatcca gtgcttataa acctttcctt cctttgtgca cagaaatgaa	2088
ctagcaagcc cattagcacc cagataattc tatcatgtta gtttcccatc ctggaaaatc	2148
tttgtagagt gggaagtcc ccgatgtgtt tttctttctt aggtgaaggg ttggctatat	2208
cactttattg aattttgcat tccttagact tttaaaatat actaatgtat tctagtctta	2268
ctctaaagac ctttgatgtt aaaggaatcc ttcatttatt tcatattccc tatctcatag	2328
ggccacaatt attttaatac agagatgatt ttcaaaatat tttacaact ggtacaggac	2388

08.10.04

XP.S.T25.txt

agatgccagc cactcagaag ggatgcctgc tgtaaacaag cagtatgtat ggttgtacca 2448
atgcctattg gctgaacatt atgctacttt cagatattaa aatgggtgttc ctttgaatcg 2508
tg 2510

<210> 250
<211> 164
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 250

Met Gln Arg Lys Arg Val Ser Ser Thr Lys Ser Leu Cys Trp Asp Gly
1 5 10 15

Arg Phe Gly Pro Cys Gly Ala Ser Gly Lys Phe Trp Leu Gln Arg Lys
20 25 30

Arg Val Ser Gln Arg Arg Ser Lys Thr Lys Ser Gly Pro Val Leu
35 40 45

Gly His Leu Lys Ala Met Pro Lys His Ser Val Ile Leu Gly Val His
50 55 60

Trp Lys Ala Ser Ser Tyr Pro His Thr Ser Ser Gln Ser Pro Asp Val
65 70 75 80

Asn Val Glu Ala Glu Asp His Leu Leu Leu Val Leu Leu Leu Phe Leu
85 90 95

Leu Phe Leu Phe Arg Thr Ala Thr Ile Glu Asp Leu Ala Ser His Phe
100 105 110

Pro Asp Val Phe Ser Glu Ile Leu Cys Trp Pro Ala Lys Pro Tyr Gly
115 120 125

Ile Leu Pro Leu Arg Ser Pro Ser Val Arg Ser Leu Phe Leu Lys
130 135 140

Asp Arg Val Gly Ser Arg Arg Gly Thr Glu Arg Thr Ser Ser Leu Ala
145 150 155 160

Leu Gln Cys Ser

<210> 251
<211> 3087
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (860)..(1135)
<223>

```

<400> 251
aattggtgaa aggatgcagg ttagtcacgg gttaagctca ttaagtcagc cttgcagata 60
caagtgggtgg ctttaattatc ctggagcaga gctcattgcc tgagagcact ttaaaagagt 120
ctccgctttt cctttatcct agagggcaag caagctggct ggttactaac tatattgtca 180
aaagctgtcc tagactcact cctaagttgc tgctgattaa ctgttcagtc taatatctgg 240
actctaatag aaggcagcac ttttggtttg gtaggagaca aattggaagg ctgggcatca 300
agtaagttaa agtcgtccat ttatcaaaca caatgcataa gagacacaga ggctcccgtt 360
tccatggacg agacacgcag ctgaaagaga tgagctgtgg aacttagac cttgtattga 420
gatgaattgg caggccaaga ggaaaagaag aaagtgggtg ggaaatattt tttggaactg 480
gtgaggcatt cctgcaaggg aaatcaatct aaaactaaac attctttcca caatgtgtgt 540
atgaaataca cttactttat tttatagaga tgcggtcttg ctatattgcc caggctggtc 600
aaccctt ggcctcaagc aatcctcca ctaggcctc ccaaagtgtt gggattacag 660
tgagagcca ctgcacctgg ctacacgtgt tttaatcctt gaaaatcctc aatccctttc 720
attattttta tactgattgg tcttccaac tgtaatttgt ttccagactc tcatattcta 780
agtgtctgtt ctccacggtc tttactgag tctagagcag aagcaaggtc accattcttt 840
ggcactcagt taacatact atg ttt tgc tat ggc tta gca gaa act aag tgc 892
                Met Phe Cys Tyr Gly Leu Ala Glu Thr Lys Cys
                1          5          10

tgt aac cta ttg gga atc tca gga ggg act ttt ttg tgt ttt ttt ttt 940
Cys Asn Leu Leu Gly Ile Ser Gly Gly Thr Phe Leu Cys Phe Phe Phe
                15          20          25

ttt ttg aga cgg agt ctc act ctg tca ccc agg ctg gag tgc agt ggc 988
Phe Leu Arg Arg Ser Leu Thr Leu Ser Pro Arg Leu Glu Cys Ser Gly
                30          35          40

gca acc tcg gct cac tac aag ctc cac ctc ccg ggt tca cgc cat tct 1036
Ala Thr Ser Ala His Tyr Lys Leu His Leu Pro Gly Ser Arg His Ser
                45          50          55

t ggc tca gcc tcc cga gta gct gga act aca ggc gct tgc cac cac 1084
Pro Ala Ser Ala Ser Arg Val Ala Gly Thr Thr Gly Ala Cys His His
                60          65          70          75

gcc cgg cta att ttt tgt att ttt agt aga gac agg gtt tca cca tgt 1132
Ala Arg Leu Ile Phe Cys Ile Phe Ser Arg Asp Arg Val Ser Pro Cys
                80          85          90

tag ccaggagggt cttgatctcc tgacctcgtg atccgcccat ctcggccttc 1185
caaagtgtg ggattacagg tgtgagccac cgcgccggc caggagtgc atttaagcta 1245
gtcagtttaa atcaaattctt tgttctatgt gacttaccca gtacttcca ataatttat 1305
ccactccaca ctttctacag tcaactgaag actaccctaaa ggagcactgc tcatgcatat 1365
ggcacagcag agcacggga cctgcccagc tcctctctga agctctgtaa tcaggcagct 1425
accaaggaag agtcagactt caacagtttt tacacaagga atctcaaaat cttaagttgg 1485
aaggacacct tccatgattt gattcccagc cacataaaac ctgttatctt tcatttataa 1545

```

XPs.ST25.txt

atgggggggaa tgggggcagag aaagctcctg ttaataaaaag aggaggccac gcgcagcggc 1605
tcatgcctgt aacctcagca ctttgggagg ctgaggtggg cagatcacga ggtcaagaga 1665
tcaagaccat cctggccaac atggtgaaac ctcattctta ctaaaaatac aaaaattagc 1725
tgggcatggt ggcgggcacc tgtagtccca gctactcagg aggctgaagc aggagaatcg 1785
ctggaacca ggaggcagag gtcgcagtga gtcgagatcg caccacggca ctccagcctg 1845
gcgcagagagc aagactccat ctcaaaaaaa aaaaaaaagt tgggggggaat aaggggctac 1905
agaaaggcat aggacaaatc agtgaatgtg aaccacatct tactaagatg ctttgcttgc 1965
tgtggcactc taaactctct tgcttgcttc catgacaata catccagggtg atctcagaaa 2025
attgtgcagt gaataggcta ctgtgaaact acgactttcc tctcattata caccagcaat 2085
acatacagct caacagtctc agtttaatat caagaatgta ggatttcaca agcttctaac 2145
cataaattca gcttttcaag agcaaatgct ttgaggatcg tcttaagaat tataaaaaaa 2205
ttgtgag agatctgcaa atttaggttt aggccactgc tgatattcta aactaagtga 2265
ttctgtaat gtctgcaagt tagtcagagg tgaggatgga aagcagcacc agtatccaca 2325
ggacaccagc accatccatg gagttctcaa gggccactca aaaaagcctg cattctgaac 2385
acttgttggt ttatagtatt tgggtgcttct ggtcgtcacc atgtcctccc acgcccacta 2445
cacacataca cacatcccct gcatagtga acataacatt gcaaagccac aaagaaatgt 2505
atcagagAAC tagtatatgg acccaacaaa gcttcaggag gacctgtta gaccaatta 2565
aagccatatg gcatctagt aacacatttt taaaaggcta tcctgtagct cagaaattac 2625
aaaataccac agaaagaaat gtcaacaact ccaattcttt actacacatt aagctactaa 2685
aagtaacagg cctcaagaaa atcgtattat tcaactgcatt ttcttcaactg tgataaaaaa 2745
aaaaaacctc aatatacatg ttagtcaaaa aaaaaaattc acttgatatg aggactcaaa 2805
atattcttgc agcacataac attccaagcc atttccttat atgcaaaaca gaatttttaa 2865
aaagcagga agacattggc aatattccta ttttctgtag atgctagtag tgttttattc 2925
atgttgtg aatcagattg tcaactatagc atgtttctac agttgtttgt gtaagtcatt 2985
tgtgtttggc ctttttcttg tagaaaaaat aaatcttgaa ttttgtgtat ttaagtctga 3045
aaagcaaat gttcttcaaa taaaaggcta tctttgaaga ac 3087

<210> 252
<211> 91
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 252

Met Phe Cys Tyr Gly Leu Ala Glu Thr Lys Cys Cys Asn Leu Leu Gly
1 5 10 15

Ile Ser Gly Gly Thr Phe Leu Cys Phe Phe Phe Phe Leu Arg Arg Ser
20 25 30

05.10.04

XPs.ST25.txt
Leu Thr Leu Ser Pro Arg Leu Glu Cys Ser Gly Ala Thr Ser Ala His
35 40 45

Tyr Lys Leu His Leu Pro Gly Ser Arg His Ser Pro Ala Ser Ala Ser
50 55 60

Arg Val Ala Gly Thr Thr Gly Ala Cys His His Ala Arg Leu Ile Phe
65 70 75 80

Cys Ile Phe Ser Arg Asp Arg Val Ser Pro Cys
85 90

<210> 253
<211> 1977
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (357)..(749)
<223>

<400> 253
cgtgggcttg aggacctgga gagagtagat cctgaagaac tttttcagtc tgctgaagag 60
cttgggaagac tggagacaga aggcagagtc tcaggctctg aagggtataag gagtgtgagt 120
tcctgtgaga aacactcatt tgattgtgaa aagacttgaa ttctatgcta agcaggggttc 180
caagtagcta aatgaatgat ctcagcaagt ctctcttgct gctgctgcta ctcgtttaca 240
tttattgatt acttacgatg attcaggtac tgttgtaagt gctttacatg ctgtttatacg 300
agactcttgg gagaaatcac tttaatgaag cttgagacac atggcattgc catgca atg 359
Met
1
att ttt ccc ccc tct tca cgg gat cag agg gaa cta ata gaa tgt gac 407
Ile Phe Pro Pro Ser Ser Arg Asp Gln Arg Glu Leu Ile Glu Cys Asp
5 10 15
gat tct tta gca ggg act gct gag gct tct ggt tcc ttt tta aga 455
n Asp Ser Leu Ala Gly Thr Ala Glu Ala Ser Gly Ser Phe Leu Arg
20 25 30
tct gca gtg aaa gaa gat gag aaa cat gga tat gcc ctt ctt ttg gtc 503
Ser Ala Val Lys Glu Asp Glu Lys His Gly Tyr Ala Leu Leu Leu Val
35 40 45
ccc ctc ttc ctt tat ttg atc tct act tcc ttc tat aaa tat att agg 551
Pro Leu Phe Leu Tyr Leu Ile Ser Thr Ser Phe Tyr Lys Tyr Ile Arg
50 55 60 65
gct aca ttg tcc ctt tgt att tca aac aag gca aaa aga ggt tgt aat 599
Ala Thr Leu Ser Leu Cys Ile Ser Asn Lys Ala Lys Arg Gly Cys Asn
70 75 80
tac act tta ctg caa tcc tca gtt tct cca ggg aac agg aat gca aag 647
Tyr Thr Leu Leu Gln Ser Ser Val Ser Pro Gly Asn Arg Asn Ala Lys
85 90 95
gct ttg aag gcc tct cta ttt gct gac atg gtc agc tgg gtg cca tgg 695
Ala Leu Lys Ala Ser Leu Phe Ala Asp Met Val Ser Trp Val Pro Trp
100 105 110

XPs.ST25.txt

gcc aag tcc ttc tgt tgc cct cct ctg tca cca agt aag cta ggt cct 743
 Ala Lys Ser Phe Cys Cys Pro Pro Leu Ser Pro Ser Lys Leu Gly Pro
 115 120 125

ttc tga ggctcaggtt tgctgtgatg atgatcactt ttaggcagaa ggtagagggc 799
 Phe
 130

ctcatgagtg ctatatggac tttattaggc tttagatttg atggggaata agggatgtga 859

tttgtctttt gggaactcat ctttgattca tcattgtctc ttggtatctt ggaatttcca 919

tgtcattaca gtctacagaa tgaaagagta acctgtccca gaggagagggc aggtgaaaga 979

ctccacagca tgctcattct cattctgtct tctcagtgc accgaggttt actgagtgcc 1039

cactatgtgc caagcactgt gctcagggct ttctttgtat gcatgatctc agtgaatctc 1099

accaagcctc atctggaaaa cggggacaaa ttaacaacag gatggcaa at tgaaaaacac 1159

gtaaccatgt tctacagatg gaaaggggtg cttgggttatt atgaaggccc cctcgcaagc 1219

tgggaca tgggtgtgtt ctctgggttg tactgatcag atcaaggacc tccccaccc 1279

ttctcacact ctgccactt ccgccccttg cttatcagac ccttagccag tgactcattc 1339

cagaaccaga accttgggtga aatctcaacc gacaccagag atcgggtgtct tcagtcctag 1399

actgatggag aaaatccaga atatatacta gaagctcaa atgctctggg tttcagctcc 1459

tctgtgctgt ggacactgac tttggctcag aactccgatt tagtacaaaa ggctcatttt 1519

tatttcaggg gcactcttcc taaagcaaac ctaataaatg aaatatggaa ttcacagata 1579

cacacacaca ttaaaaaatt aacctagtgt atctgtgagg agtaggcaga aattcactgt 1639

ataaaagaat gcttcatttc atagagaatt tgtgttaaga ttccattaga tagtacattt 1699

ctcaaagatt tttgaggttg tatttgcttt accaaaactt ggtttatgta agtggaaaaa 1759

gcatgttgca aaataacttg gtgtctatga ttcagtttat gtaaaataat aaatgtatgt 1819

aggaatacgt gtgttgaaag atgtacatca atttgctaac aatggttatc tctgacgtgg 1879

ggatttga gatgtgtttt tctttttggt tgtatttttc tctattgttt gacttaacac 1939

gaacatgtt tggttacaac aataaagtta ttgaagac 1977

<210> 254
 <211> 130
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 254

Met Ile Phe Pro Pro Ser Ser Arg Asp Gln Arg Glu Leu Ile Glu Cys
 1 5 10 15

Asp Asn Asp Ser Leu Ala Gly Thr Ala Glu Ala Ser Gly Ser Phe Leu
 20 25 30

Arg Ser Ala Val Lys Glu Asp Glu Lys His Gly Tyr Ala Leu Leu Leu
 35 40 45

XPs.ST25.txt

Val Pro Leu Phe Leu Tyr Leu Ile Ser Thr Ser Phe Tyr Lys Tyr Ile
50 55 60

Arg Ala Thr Leu Ser Leu Cys Ile Ser Asn Lys Ala Lys Arg Gly Cys
65 70 75 80

Asn Tyr Thr Leu Leu Gln Ser Ser Val Ser Pro Gly Asn Arg Asn Ala
85 90 95

Lys Ala Leu Lys Ala Ser Leu Phe Ala Asp Met Val Ser Trp Val Pro
100 105 110

Trp Ala Lys Ser Phe Cys Cys Pro Pro Leu Ser Pro Ser Lys Leu Gly
115 120 125

Pro Phe
130

<210> 255
<211> 1189
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (66)..(539)
<223>

<400> 255
ccctttaatg agttcttggt ttcctgactg cagctctctt cattctgccca accttttcca 60

actcc atg atg atc ctg cag gtt tca ggg ggc ccc tgg aca gtg gct ctg 110
Met Met Ile Leu Gln Val Ser Gly Gly Pro Trp Thr Val Ala Leu
1 5 10 15

aca gca tta ctg atg gtg ctg ctc ata tct gtg gtc cag agc agg gcc 158
Thr Ala Leu Leu Met Val Leu Leu Ile Ser Val Val Gln Ser Arg Ala
20 25 30

t cca gag aat tcc gtc tac cag gaa cgg cag gaa tgc tat gcg ttc 206
Thr Pro Glu Asn Ser Val Tyr Gln Glu Arg Gln Glu Cys Tyr Ala Phe
35 40 45

aat ggg act cag cgc gtt gtg gac ggg ctc atc tac aac cgg gag gaa 254
Asn Gly Thr Gln Arg Val Val Asp Gly Leu Ile Tyr Asn Arg Glu Glu
50 55 60

tac gtg cat ttt gac agc gca gtg ggg gag ttc cta gca gtg atg gag 302
Tyr Val His Phe Asp Ser Ala Val Gly Glu Phe Leu Ala Val Met Glu
65 70 75

ctg ggg cgg ccc ata ggc gag tac ttc aat agc cag aag gac ttt atg 350
Leu Gly Arg Pro Ile Gly Glu Tyr Phe Asn Ser Gln Lys Asp Phe Met
80 85 90 95

gaa cgg aag cga gcc gag gtg gac aag gtg tgc aga cac aag tac gag 398
Glu Arg Lys Arg Ala Glu Val Asp Lys Val Cys Arg His Lys Tyr Glu
100 105 110

ctg atg gag cca ctc atc cgg cag cgc cga gga gac gta acc ata act 446
Leu Met Glu Pro Leu Ile Arg Gln Arg Arg Gly Asp Val Thr Ile Thr
Seite 379

XPs.ST25.txt

```

115                                     120                                     125
gct gtt agg ggg tgt tgg acg acg att ctt tct ggc tac ttc ctg ctg      494
Ala Val Arg Gly Cys Trp Thr Thr Ile Leu Ser Gly Tyr Phe Leu Leu
130                                     135                                     140

aaa agg ggc gtc gtg ttg ggg ggc tgc agt tgg ggc tcc tcc tga      539
Lys Arg Gly Val Val Leu Gly Gly Cys Ser Trp Gly Ser Ser
145                                     150                                     155

ggttgatcta aggccttcttg gaagaatggc atgtccatgt gtggctttgt ttgcagcacc      599
atttgaagtt tgattgcttc taggcaaaaa gagataaatt ttacaagaag gtttaaaata      659
tagggttacc atatgagtat taagattacc acctatagac tgtaactatg acagtagagt      719
ttgatacctg ttacaccaat ggattgtaat actggtttgt ctccactaga tgtcgctgta      779
cattaccaga aacgttaata taaaagcatc atttcctttg agaaaaacat gtttcccccct      839
tgacttgcta ttagggcata atttttgggt tagggcattc tttataactt atgatatgat      899
ggagaaaa acgttattgg gtggctaaaa taactttgggt gttaatcttg gcaattcctt      959
ctttaatt attaaatttc ttaattatta aattctttca tgactttcac agaccctctt      1019
acaatgtact caactttctg acttgtctta aacaaccagt catttccttt taggacaaga      1079
atttactata caagatcctt tcttatataa aatcccttta tttgtaacct tctttccata      1139
gcttagagtg caccatttac caatcttcaa taaaaaagtc ctatcaaact      1189

```

<210> 256
 <211> 157
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 256

Met Met Ile Leu Gln Val Ser Gly Gly Pro Trp Thr Val Ala Leu Thr
 1 5 10 15

Ala Leu Leu Met Val Leu Leu Ile Ser Val Val Gln Ser Arg Ala Thr
 20 25 30

Pro Glu Asn Ser Val Tyr Gln Glu Arg Gln Glu Cys Tyr Ala Phe Asn
 35 40 45

Gly Thr Gln Arg Val Val Asp Gly Leu Ile Tyr Asn Arg Glu Glu Tyr
 50 55 60

Val His Phe Asp Ser Ala Val Gly Glu Phe Leu Ala Val Met Glu Leu
 65 70 75 80

Gly Arg Pro Ile Gly Glu Tyr Phe Asn Ser Gln Lys Asp Phe Met Glu
 85 90 95

Arg Lys Arg Ala Glu Val Asp Lys Val Cys Arg His Lys Tyr Glu Leu
 100 105 110

XPs.ST25.txt
Met Glu Pro Leu Ile Arg Gln Arg Arg Gly Asp Val Thr Ile Thr Ala
115 120 125

Val Arg Gly Cys Trp Thr Thr Ile Leu Ser Gly Tyr Phe Leu Leu Lys
130 135 140

Arg Gly Val Val Leu Gly Gly Cys Ser Trp Gly Ser Ser
145 150 155

<210> 257
<211> 1293
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (84)..(743)
<223>

00> 257
ccgagggtttcggcgacgcggagggagggagaggtctgggccgcgcgggagccgcagg 60
gcgcctagccttcgcagaaacg atg gcg gag gaa gaa gga cca cct gta gag 113
Met Ala Glu Glu Glu Gly Pro Pro Val Glu
1 5 10
ctg cgc caa aga aaa aag cca aag tct tca gaa aat aag gaa tct gcc 161
Leu Arg Gln Arg Lys Lys Pro Lys Ser Ser Glu Asn Lys Glu Ser Ala 25
aaa gaa gag aaa atc agt gac att cca att cct gaa aga gct cca aaa 209
Lys Glu Glu Lys Ile Ser Asp Ile Pro Ile Pro Glu Arg Ala Pro Lys 30 35 40
cat gta tta ttt caa cgc ttt gca aag att ttc att ggc tgt ctt gca 257
His Val Leu Phe Gln Arg Phe Ala Lys Ile Phe Ile Gly Cys Leu Ala 45 50 55
gcg gtt act agt ggt atg atg tat gct ctc tac tta tca gca tac cat 305
Ala Val Thr Ser Gly Met Met Tyr Ala Leu Tyr Leu Ser Ala Tyr His 60 65 70
a cgg aaa ttc tgg ttt tcc aac agg cag gag ctt gaa cgg gaa atc 353
u Arg Lys Phe Trp Phe Ser Asn Arg Gln Glu Leu Glu Arg Glu Ile 80 85 90
acg ttt cag ggt gac agt gcc att tat tac tcc tat tat aaa gat atg 401
Thr Phe Gln Gly Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr Ser Tyr Tyr Lys Asp Met 95 100 105
tta aag gca cct tca ttt gaa aga ggt gtt tac gaa ctg aca cac aat 449
Leu Lys Ala Pro Ser Phe Glu Arg Gly Val Tyr Glu Leu Thr His Asn 110 115 120
aac aaa act gta tct ctg aag act ata aat gca gtg cag caa atg tct 497
Asn Lys Thr Val Ser Leu Lys Thr Ile Asn Ala Val Gln Gln Met Ser 125 130 135
ctg tat ccg gaa ctt att gct agc att tta tat caa gcc act ggt agc 545
Leu Tyr Pro Glu Leu Ile Ala Ser Ile Leu Tyr Gln Ala Thr Gly Ser 140 145 150
aat gag att att gag cca gtg tat ttc tat att ggc att gtt ttt gga 593
Asn Glu Ile Ile Glu Pro Val Tyr Phe Tyr Ile Gly Ile Val Phe Gly 155 160 165 170

XPs.ST25.txt

ttg caa gga ata tat gtt act gct tta ttt gtt aca agt tgg ctt atg 641
 Leu Gln Gly Ile Tyr Val Thr Ala Leu Phe Val Thr Ser Trp Leu Met 185
 175

agt gga aca tgg cta gca gga atg ctt act gtt gcg tgg ttc gtt att 689
 Ser Gly Thr Trp Leu Ala Gly Met Leu Thr Val Ala Trp Phe Val Ile 200
 190

aac agt tgc aca gac ccc tgg tac agt gtg gga ggt gac aac aca gga 737
 Asn Ser Cys Thr Asp Pro Trp Tyr Ser Val Gly Gly Asp Asn Thr Gly 215
 205

tat taa taccaggagg caggaatcat tgggaccgtc ttggaggctg gctaccacat 793
 Tyr

tcaattaact ttgctattaa tttcatgtaa tccctatatc tgtcttcata tttgaagagg 853

aaaagatact ttctcatgta aacataatgg ttttaaagaa taagactctc ttatgctact 913

taaacaaaag aataagactc tctttagaga tcttagtgag aattgtaaga aataaaaataa 973

agaagtct gactgcctta tttgatgtca ctgatgtatg ttgtattgct ggagtagaag 1033

ttaaatagaa aaattgacct ggtatattct actcaaatgt atcttttgac aattgaaatg 1093

ttcttaatag ctaagtttta aaaaatgcgt ttgtttgctt tttgtttata ttttattggt 1153

atgtatcttg tactgcaaaa tacattttta tgccatgaaa gaatatgctg tctctttatt 1213

catcagcttt atagctttta tttatatatg acttcttaga aaagtataaa aagatattaa 1273

agtcattcca ttatattatg 1293

<210> 258
 <211> 219
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 258

Met Ala Glu Glu Glu Gly Pro Pro Val Glu Leu Arg Gln Arg Lys Lys 15
 1 5 10

Pro Lys Ser Ser Glu Asn Lys Glu Ser Ala Lys Glu Glu Lys Ile Ser 30
 20 25 30

Asp Ile Pro Ile Pro Glu Arg Ala Pro Lys His Val Leu Phe Gln Arg 45
 35 40 45

Phe Ala Lys Ile Phe Ile Gly Cys Leu Ala Ala Val Thr Ser Gly Met 60
 50 55 60

Met Tyr Ala Leu Tyr Leu Ser Ala Tyr His Glu Arg Lys Phe Trp Phe 80
 65 70 75 80

Ser Asn Arg Gln Glu Leu Glu Arg Glu Ile Thr Phe Gln Gly Asp Ser 95
 85 90 95

Ala Ile Tyr Tyr Ser Tyr Tyr Lys Asp Met Leu Lys Ala Pro Ser Phe

Glu Arg Gly Val Tyr Glu Leu Thr His Asn Asn Lys Thr Val Ser Leu
115 120 125

Lys Thr Ile Asn Ala Val Gln Gln Met Ser Leu Tyr Pro Glu Leu Ile
130 135 140

Ala Ser Ile Leu Tyr Gln Ala Thr Gly Ser Asn Glu Ile Ile Glu Pro
145 150 155 160

Val Tyr Phe Tyr Ile Gly Ile Val Phe Gly Leu Gln Gly Ile Tyr Val
165 170 175

Thr Ala Leu Phe Val Thr Ser Trp Leu Met Ser Gly Thr Trp Leu Ala
180 185 190

Met Leu Thr Val Ala Trp Phe Val Ile Asn Ser Cys Thr Asp Pro
195 200 205

Trp Tyr Ser Val Gly Gly Asp Asn Thr Gly Tyr
210 215

<210> 259
<211> 4209
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (30)..(4061)
<223>

<400> 259
agttgcttga aagcaacgtg cctattcac atg gag aat ctt ccc ttt cct tta
Met Glu Asn Leu Pro Phe Pro Leu
1 5

53

aa tta ctt agt gcc tca tcg cta aac gcc ccc agc tcc aca cca tgg
Lys Leu Leu Ser Ala Ser Ser Leu Asn Ala Pro Ser Ser Thr Pro Trp
10 20

101

gtg ttg gat atc ttc ctc acc ttg gtg ttt gcc ctg ggg ttc ttc ttc
Val Leu Asp Ile Phe Leu Thr Leu Val Phe Ala Leu Gly Phe Phe Phe
25 30 35 40

149

cta tta ctc ccc tac tta tct tac ttc cat tgt gat gac cca ccc tca
Leu Leu Leu Pro Tyr Leu Ser Tyr Phe His Cys Asp Asp Pro Pro Ser
45 50 55

197

cca tcg cct ggg aag aga aag tgt cca gta ggg cgg agg cgg agg ccc
Pro Ser Pro Gly Lys Arg Lys Cys Pro Val Gly Arg Arg Arg Arg Pro
60 65 70

245

aga ggc agg atg aaa aac cac agt ctg aga gct ggt aga gag tgc ccg
Arg Gly Arg Met Lys Asn His Ser Leu Arg Ala Gly Arg Glu Cys Pro
75 80 85

293

aga ggc ctg gag gag act tcg gac ctt ctt tca caa ctg cag agc ctc
Arg Gly Leu Glu Glu Thr Ser Asp Leu Leu Ser Gln Leu Gln Ser Leu
seite 383

341

05.10.04

XPs.ST25.txt
100

90

95

ctg ggg cca cac ctt gac aaa ggt gac ttt ggt cag ctc tcc ggt cca Leu Gly Pro His Leu Asp Lys Gly Asp Phe Gly Gln Leu Ser Gly Pro 105 110 115 120	389
gac ccc cca ggt gag gtg ggc gaa aga gca cct gat gga gcc tcc cag Asp Pro Pro Gly Glu Val Gly Glu Arg Ala Pro Asp Gly Ala Ser Gln 125 130 135	437
tcc tct cat gag cct atg gaa gat gct gct ccc att ctc tcc ccg tta Ser Ser His Glu Pro Met Glu Asp Ala Ala Pro Ile Leu Ser Pro Leu 140 145 150	485
gct tcc ccg gat cct caa gcc aag cat cct cag gat ctg gcc tcc acc Ala Ser Pro Asp Pro Gln Ala Lys His Pro Gln Asp Leu Ala Ser Thr 155 160 165	533
cca tca cca ggc cca atg acc acc tca gtc tcc tcc cta agt gcc tcc Pro Ser Pro Gly Pro Met Thr Thr Ser Val Ser Ser Leu Ser Ala Ser 170 175 180	581
gag cca cca gaa cct tcc ctt ccc cta gaa cac ccc tca ccc gag cca Pro Pro Pro Glu Pro Ser Leu Pro Leu Glu His Pro Ser Pro Glu Pro 185 190 195 200	629
cct gca ctt ttc cct cac cca cca cac acc cct gat cct ctg gcc tgc Pro Ala Leu Phe Pro His Pro Pro His Thr Pro Asp Pro Leu Ala Cys 205 210 215	677
tct ccg cct cct cca aaa ggc ttc act gct cct ccc ctg cgg gac tcc Ser Pro Pro Pro Pro Lys Gly Phe Thr Ala Pro Pro Leu Arg Asp Ser 220 225 230	725
aca ctg ata act cca tct cac tgt gac tca gtg gca ctt cca ctg ggc Thr Leu Ile Thr Pro Ser His Cys Asp Ser Val Ala Leu Pro Leu Gly 235 240 245	773
acc gtc cct caa agc ttg tct cca cat gag gat ttg gtg gct tct gtc Thr Val Pro Gln Ser Leu Ser Pro His Glu Asp Leu Val Ala Ser Val 250 255 260	821
cca gcc atc tca ggc ctt ggt ggc tca aac agt cat gtt tct gcc tcc Pro Ala Ile Ser Gly Leu Gly Gly Ser Asn Ser His Val Ser Ala Ser 265 270 275 280	869
c ccg tgg cag gag act gcc aga acc tcg tgc gcc ttt aac tca tca Ser Arg Trp Gln Glu Thr Ala Arg Thr Ser Cys Ala Phe Asn Ser Ser 285 290 295	917
gtc cag caa gat cct ctt tcc cgc cac cca cca gag acc tgt cag atg Val Gln Gln Asp Pro Leu Ser Arg His Pro Pro Glu Thr Cys Gln Met 300 305 310	965
gaa gct ggt agc ctg ttt ttg ctc agc tct gat ggc cag aat gtc gtg Glu Ala Gly Ser Leu Phe Leu Leu Ser Ser Asp Gly Gln Asn Val Val 315 320 325	1013
ggg ata caa gtc aca gaa aca gcc aag gtc aac att tgg gaa gaa aaa Gly Ile Gln Val Thr Glu Thr Ala Lys Val Asn Ile Trp Glu Glu Lys 330 335 340	1061
gaa aat gtt gga tca ttt aca aat caa atg acc cca gaa aag cac tta Glu Asn Val Gly Ser Phe Thr Asn Gln Met Thr Pro Glu Lys His Leu 345 350 355 360	1109
aat tct ttg ggg aat ttg gct aaa tca ttg gat gct gag cag gac acc Asn Ser Leu Gly Asn Leu Ala Lys Ser Leu Asp Ala Glu Gln Asp Thr 365 370 375 380	1157

05.10.04

XPs.ST25.txt
370

365		375	
aca aac cca aaa ccc ttc tgg aac atg gga gag aac tcg aaa cag ctg	1205		
Thr Asn Pro Lys 380 Pro Phe Trp Asn Met 385 Gly Glu Asn Ser Lys 390 Gln Leu			
ccc gga cct cag aag tgc tca gat cct agg ctc ttg cag gaa agt ttt	1253		
Pro Gly Pro 395 Gln Lys Cys Ser Asp 400 Pro Arg Leu Leu Gln 405 Glu Ser Phe			
tgg aag aat tat agc cag ctt ttc tgg ggc ctc ccc tct ctg cac agc	1301		
Trp Lys Asn Tyr Ser Gln Leu Phe Trp Gly Leu Pro 420 Ser Leu His Ser			
gag tcc ctg gtg gct aac gcc tgg gta act gac agg tct tat act tta	1349		
Glu Ser Leu Val Ala Asn Ala Trp Val Thr Asp Arg Ser Tyr Thr Leu 440			
cag tct cct cct ttc ttg ttc aat gaa atg tcc aat gtc tgc cca att	1397		
Gln Ser Pro Pro Phe 445 Leu Phe Asn Glu Met 450 Ser Asn Val Cys Pro 455 Ile			
a agg gag act aca atg tcc cca ctg ctt ttc cag gcc cag ccc ctg	1445		
n Arg Glu Thr 460 Thr Met Ser Pro Leu 465 Leu Phe Gln Ala Gln Pro Leu			
tcc cac cgc caa ccc ttt att tca tcc aca ccc caa ttc ctg ccc aca	1493		
Ser His Arg 475 Gln Pro Phe Ile Ser 480 Ser Thr Pro Gln Phe 485 Leu Pro Thr			
cct atg gct cag gcc gag gct cag gcc cat ctt cag tct tct ttc cca	1541		
Pro Met Ala Gln Ala Glu Ala Gln Ala His Leu 500 Gln Ser Ser Phe Pro			
gtc cta tct cct gct ttt cca tcc ctg att aag aac act gga gta gct	1589		
Val Leu Ser Pro Ala Phe Pro Ser Leu Ile Lys 515 Asn Thr Gly Val Ala 520			
tgc cct gca tcg cag aat aaa gtg caa gct ctc tcc cta cct gaa act	1637		
Cys Pro Ala Ser Gln Asn Lys Val Gln Ala 530 Leu Ser Leu Pro Glu Thr 535			
cag cac cct gaa tgg cct ttg ttg agg aaa caa cta gaa ggt agg ttg	1685		
Gln His Pro Glu Trp Pro Leu Leu Arg Lys Gln Leu Glu Gly Arg Leu 550			
t tta ccc tct agg gtc caa aaa tct cag gac gtc ttt agt gtc tcc	1733		
na Leu Pro 555 Ser Arg Val Gln Lys 560 Ser Gln Asp Val Phe 565 Ser Val Ser			
act cct aac ctt ccc cag gaa agt ttg aca tcc att ctg cct gag aac	1781		
Thr Pro Asn Leu Pro Gln Glu Ser Leu Thr Ser Ile Leu Pro Glu Asn 570			
ttt cca gtc agt cct gaa ctc cgg aga caa ctg gag caa cac ata aaa	1829		
Phe Pro Val Ser Pro Glu Leu Arg Arg Gln Leu Glu Gln His Ile Lys 600			
aag tgg atc atc caa cac tgg ggc aac ctg gga agg atc caa gag tct	1877		
Lys Trp Ile Ile Gln His Trp Gly Asn 610 Leu Gly Arg Ile Gln Glu Ser 615			
ctg gat ctg atg cag ctt cgg gac gaa tca cca ggg aca agt cag gcc	1925		
Leu Asp Leu Met Gln Leu Arg Asp Glu 625 Ser Pro Gly Thr Ser Gln Ala			
aag ggc aaa ccc agt ccc tgg cag tcc tcc acg tcc aca ggt gaa agc	1973		
Lys Gly Lys Pro Ser Pro Trp Gln Ser Ser Thr Ser Thr Gly Glu Ser			

05.10.04

XPs.ST25.txt

635	640	645	
agc aag gag gca cag aag gtg aag ttc cag cta gag agg gac ctg tgc Ser Lys Glu Ala Gln Lys Val Lys Phe Gln Leu Glu Arg Asp Leu Cys 650 655 660			2021
cca cat ctg ggg caa att ctg ggt gag acc cca caa aat cta tcc agg Pro His Leu Gly Gln Ile Leu Gly Glu Thr Pro Gln Asn Leu Ser Arg 665 670 675 680			2069
gac atg aaa agc ttc cca cgg aag gtt ctg ggg gtg act tct gag gag Asp Met Lys Ser Phe Pro Arg Lys Val Leu Gly Val Thr Ser Glu Glu 685 690 695			2117
tcg gaa agg aac ttg agg aag ccc ttg agg agt gac tcg gga agt gat Ser Glu Arg Asn Leu Arg Lys Pro Leu Arg Ser Asp Ser Gly Ser Asp 700 705 710			2165
tta tta aga tgc aca gag agg act cat ata gaa aac atc ctg aaa gcc Leu Leu Arg Cys Thr Glu Arg Thr His Ile Glu Asn Ile Leu Lys Ala 715 720 725			2213
c atg ggc agg aac ttg ggc cag acc aac gag ggc ttg atc ccc gtg S Met Gly Arg Asn Leu Gly Gln Thr Asn Glu Gly Leu Ile Pro Val 730 735 740			2261
cgt gtg cgt cga tcc tgg ctt gct gtc aac cag gct ctt ccc gtg tcc Arg Val Arg Arg Ser Trp Leu Ala Val Asn Gln Ala Leu Pro Val Ser 745 750 755 760			2309
aac acc cat gtg aaa acc agc aat cta gca gcc ccg aaa agt ggg aaa Asn Thr His Val Lys Thr Ser Asn Leu Ala Ala Pro Lys Ser Gly Lys 765 770 775			2357
gcc tgt gtg aac aca gcc cag gtg ctt tcc ttc ctc gag ccg tgt act Ala Cys Val Asn Thr Ala Gln Val Leu Ser Phe Leu Glu Pro Cys Thr 780 785 790			2405
cag cag ggg ttg gga gcc cat att gtg agg ttt tgg gcc aaa cac agg Gln Gln Gly Leu Gly Ala His Ile Val Arg Phe Trp Ala Lys His Arg 795 800 805			2453
tgg ggt cta ccc ctc agg gtc ctc aag ccc att cag tgc ttt aaa ctg Trp Gly Leu Pro Leu Arg Val Leu Lys Pro Ile Gln Cys Phe Lys Leu 810 815 820			2501
a aag gtt tca tcc ttg tcc ctt acg cag ctt gct ggt ccc tcc tca u Lys Val Ser Ser Leu Ser Leu Thr Gln Leu Ala Gly Pro Ser Ser 825 830 835 840			2549
gcc acc tgt gaa tct ggg gct ggc tca gaa gtt gag gtg gac atg ttc Ala Thr Cys Glu Ser Gly Ala Gly Ser Glu Val Glu Val Asp Met Phe 845 850 855			2597
ctt aga aag cca cca atg gca agt ctg aga aag cag gtg ctg acc aaa Leu Arg Lys Pro Pro Met Ala Ser Leu Arg Lys Gln Val Leu Thr Lys 860 865 870			2645
gca tct gat cac atg cca gag agt ctt ctg gcc tcc tca cct gca tgg Ala Ser Asp His Met Pro Glu Ser Leu Leu Ala Ser Pro Ala Trp 875 880 885			2693
aag cag ttc cag agg gca ccg cga gga atc cca tct tgg aat gat cat Lys Gln Phe Gln Arg Ala Pro Arg Gly Ile Pro Ser Trp Asn Asp His 890 895 900			2741
ggg ccc ttg aag cct cct cca gct gga cag gag ggc agg tgg cca tct Gly Pro Leu Lys Pro Pro Pro Ala Gly Gln Glu Gly Arg Trp Pro Ser 905 910 915			2789

05.10.04

XPs.ST25.txt
915

905		910		920	
aag ccc ctc acg tac agc ctc aca ggc agc acc cag cag agc agg agc		agc ctc aca ggc agc acc cag cag agc agg agc			2837
Lys Pro Leu Thr Tyr Ser Leu Thr Gly Ser Thr Gln Gln Ser Arg Ser		925 930 935			
tta gga gcc caa tct tca aag gct gga gag aca agg gag gca gtg cca		gag gct gga gag aca agg gag gca gtg cca			2885
Leu Gly Ala Gln Ser Ser Lys Ala Gly Glu Thr Arg Glu Ala Val Pro		940 945 950			
caa tgc aga gtc ccc ttg gaa acc tgt atg ctg gca aac ctc caa gcc		gag gct gga gag aca agg gag gca gtg cca			2933
Gln Cys Arg Val Pro Leu Glu Thr Cys Met Leu Ala Asn Leu Gln Ala		955 960 965			
aca agt gag gat gtg cat ggt ttc gag gct cca ggg acc agc aaa agc		gag gct gga gag aca agg gag gca gtg cca			2981
Thr Ser Glu Asp Val His Gly Phe Glu Ala Pro Gly Thr Ser Lys Ser		970 975 980			
tct cta cac cct aga gtg tct gtc tcc caa gat cca aga aag ctg tgt		gag gct gga gag aca agg gag gca gtg cca			3029
Ser Leu His Pro Arg Val Ser Val Ser Gln Asp Pro Arg Lys Leu Cys		985 990 995 1000			
tt atg gag gag gtt gtt agt gaa ttt gag cct gga atg gcc aca		gag gct gga gag aca agg gag gca gtg cca			3074
u Met Glu Glu Val Val Ser Glu Phe Glu Pro Gly Met Ala Thr		1005 1010 1015			
aag tca gag acc cag cct caa gtt tgt gcc gct gtt gtg ctc ctt		gag gct gga gag aca agg gag gca gtg cca			3119
Lys Ser Glu Thr Gln Pro Gln Val Cys Ala Ala Val Val Leu Leu		1020 1025 1030			
cca gat ggg caa gca tct gtt gtg ccc cac gct tca gag aat ttg		gag gct gga gag aca agg gag gca gtg cca			3164
Pro Asp Gly Gln Ala Ser Val Val Pro His Ala Ser Glu Asn Leu		1035 1040 1045			
gtt tct caa gtg ccc cag ggc cat ctc cag agc atg cct act ggg		gag gct gga gag aca agg gag gca gtg cca			3209
Val Ser Gln Val Pro Gln Gly His Leu Gln Ser Met Pro Thr Gly		1050 1055 1060			
aac atg cgg gct tcc cag gag cta cat gac ctc atg gca gcc aga		gag gct gga gag aca agg gag gca gtg cca			3254
Asn Met Arg Ala Ser Gln Glu Leu His Asp Leu Met Ala Ala Arg		1065 1070 1075			
agg agc aaa ctg gtg caa gag gag ccc aga aac cca aac tgt caa		gag gct gga gag aca agg gag gca gtg cca			3299
Arg Ser Lys Leu Val Gln Glu Glu Pro Arg Asn Pro Asn Cys Gln		1080 1085 1090			
c tca tgc aag agc caa agg cca atg ttt ccc cct att cac aag		gag gct gga gag aca agg gag gca gtg cca			3344
ly Ser Cys Lys Ser Gln Arg Pro Met Phe Pro Pro Ile His Lys		1095 1100 1105			
agt gag aag tct agg aag ccc aac tta gaa aaa cat gaa gaa agg		gag gct gga gag aca agg gag gca gtg cca			3389
Ser Glu Lys Ser Arg Lys Pro Asn Leu Glu Lys His Glu Glu Arg		1110 1115 1120			
ctt gaa gga ttg agg act cct caa ctt acc cca gtc agg aaa aca		gag gct gga gag aca agg gag gca gtg cca			3434
Leu Glu Gly Leu Arg Thr Pro Gln Leu Thr Pro Val Arg Lys Thr		1125 1130 1135			
gaa gac acc cat cag gat gaa ggc gtc cag cta ctg cca tca aag		gag gct gga gag aca agg gag gca gtg cca			3479
Glu Asp Thr His Gln Asp Glu Gly Val Gln Leu Leu Pro Ser Lys		1140 1145 1150			
aaa cag cct cct tca gta agc cac ttt gga gaa aac atc aag caa		gag gct gga gag aca agg gag gca gtg cca			3524
Lys Gln Pro Pro Ser Val Ser His Phe Gly Glu Asn Ile Lys Gln		1155 1160 1165			
ttt ttt cag tgg att ttt tca aag aaa aaa agc aag cca gca cca		gag gct gga gag aca agg gag gca gtg cca			3569
Phe Phe Gln Trp Ile Phe Ser Lys Lys Lys Ser Lys Pro Ala Pro					

05.10.04

XPs.ST25.txt
1175

1170															1180															
gtc	act	gct	gag	agc	caa	aaa	aca	gta	aaa	aac	aga	tca	tgt	gtg		3614														
Val	Thr	Ala	Glu	Ser	Gln	Lys	Thr	Val	Lys	Asn	Arg	Ser	Cys	Val																
				1185					1190					1195																
tac	agc	agc	agt	gct	gaa	gct	cag	ggc	ctc	atg	acg	gca	gtt	gga		3659														
Tyr	Ser	Ser	Ser	Ala	Glu	Ala	Gln	Gly	Leu	Met	Thr	Ala	Val	Gly																
				1200					1205					1210																
caa	atg	ctg	gac	aag	aaa	atg	tca	ctt	tgc	cat	gcg	cac	cat	gcc		3704														
Gln	Met	Leu	Asp	Lys	Lys	Met	Ser	Leu	Cys	His	Ala	His	His	Ala																
				1215					1220					1225																
tcg	aag	gta	aat	cag	cac	aaa	cag	aag	ttt	caa	gcc	cca	gtc	tgt		3749														
Ser	Lys	Val	Asn	Gln	His	Lys	Gln	Lys	Phe	Gln	Ala	Pro	Val	Cys																
				1230					1235					1240																
ggg	ttt	ccc	tgc	aac	cac	agg	cac	ctc	ttc	tac	tca	gaa	cat	ggc		3794														
Gly	Phe	Pro	Cys	Asn	His	Arg	His	Leu	Phe	Tyr	Ser	Glu	His	Gly																
				1245					1250					1255																
gaa	ata	ctg	agc	tat	gca	gcc	agc	agt	caa	caa	gcc	act	ctc	aag		3839														
Gly	Ile	Leu	Ser	Tyr	Ala	Ala	Ser	Ser	Gln	Gln	Ala	Thr	Leu	Lys																
				1260					1265					1270																
agc	cag	ggc	tgt	ccc	aac	aga	gac	agg	caa	atc	aga	aat	caa	cag		3884														
Ser	Gln	Gly	Cys	Pro	Asn	Arg	Asp	Arg	Gln	Ile	Arg	Asn	Gln	Gln																
				1275					1280					1285																
ccc	ttg	aaa	agt	gtg	cgg	tgc	aac	aat	gag	caa	tgg	ggc	ctg	cga		3929														
Pro	Leu	Lys	Ser	Val	Arg	Cys	Asn	Asn	Glu	Gln	Trp	Gly	Leu	Arg																
				1290					1295					1300																
cat	ccc	caa	atc	ttg	cac	ccc	aag	aaa	gct	gta	tcc	cca	gtc	agt		3974														
His	Pro	Gln	Ile	Leu	His	Pro	Lys	Lys	Ala	Val	Ser	Pro	Val	Ser																
				1305					1310					1315																
ccc	cct	cag	cac	tgg	ccg	aag	aca	tcc	ggc	gcc	tct	agc	cac	cat		4019														
Pro	Pro	Gln	His	Trp	Pro	Lys	Thr	Ser	Gly	Ala	Ser	Ser	His	His																
				1320					1325					1330																
cac	cac	tgt	cca	agg	cac	tgt	ctt	ctt	tgg	gaa	ggc	atc	tga			4061														
His	His	Cys	Pro	Arg	His	Cys	Leu	Leu	Trp	Glu	Gly	Ile																		
				1335					1340																					
tggtcagt	cacaaattct	tttttagcct	tccctggaga	aaaacaagtc	cccaagaaaa											4121														
aattcactct	atgtagagaa	aaaatatttt	ctctcatggt	agtaaattgca	gaacatttaa											4181														
tattccacaa	tatatatggt	ttttttatt														4209														
<210>	260																													
<211>	1343																													
<212>	PRT																													
<213>	Homo sapiens																													
<400>	260																													
Met	Glu	Asn	Leu	Pro	Phe	Pro	Leu	Lys	Leu	Leu	Ser	Ala	Ser	Ser	Leu															
1				5					10					15																
Asn	Ala	Pro	Ser	Ser	Thr	Pro	Trp	Val	Leu	Asp	Ile	Phe	Leu	Thr	Leu															
			20					25					30																	

05.10.04

XPs.ST25.txt

Val Phe Ala Leu Gly Phe Phe Phe Leu Leu Leu Pro Tyr Leu Ser Tyr
35 40 45

Phe His Cys Asp Asp Pro Pro Ser Pro Ser Pro Gly Lys Arg Lys Cys
50 55 60

Pro Val Gly Arg Arg Arg Arg Pro Arg Gly Arg Met Lys Asn His Ser
65 70 75 80

Leu Arg Ala Gly Arg Glu Cys Pro Arg Gly Leu Glu Glu Thr Ser Asp
85 90 95

Leu Leu Ser Gln Leu Gln Ser Leu Leu Gly Pro His Leu Asp Lys Gly
100 105 110

Asp Phe Gly Gln Leu Ser Gly Pro Asp Pro Pro Gly Glu Val Gly Glu
115 120 125

Arg Ala Pro Asp Gly Ala Ser Gln Ser Ser His Glu Pro Met Glu Asp
130 135 140

Ala Ala Pro Ile Leu Ser Pro Leu Ala Ser Pro Asp Pro Gln Ala Lys
145 150 155 160

His Pro Gln Asp Leu Ala Ser Thr Pro Ser Pro Gly Pro Met Thr Thr
165 170 175

Ser Val Ser Ser Leu Ser Ala Ser Gln Pro Pro Glu Pro Ser Leu Pro
180 185 190

Leu Glu His Pro Ser Pro Glu Pro Pro Ala Leu Phe Pro His Pro Pro
195 200 205

His Thr Pro Asp Pro Leu Ala Cys Ser Pro Pro Pro Pro Lys Gly Phe
210 215 220

Thr Ala Pro Pro Leu Arg Asp Ser Thr Leu Ile Thr Pro Ser His Cys
225 230 235 240

Asp Ser Val Ala Leu Pro Leu Gly Thr Val Pro Gln Ser Leu Ser Pro
245 250 255

His Glu Asp Leu Val Ala Ser Val Pro Ala Ile Ser Gly Leu Gly Gly
260 265 270

Ser Asn Ser His Val Ser Ala Ser Ser Arg Trp Gln Glu Thr Ala Arg
275 280 285

Thr Ser Cys Ala Phe Asn Ser Ser Val Gln Gln Asp Pro Leu Ser Arg
290 295 300

XPs.ST25.txt

His Pro Pro Glu Thr Cys Gln Met Glu Ala Gly Ser Leu Phe Leu Leu
305 310 315 320

Ser Ser Asp Gly Gln Asn Val Val Gly Ile Gln Val Thr Glu Thr Ala
325 330 335

Lys Val Asn Ile Trp Glu Glu Lys Glu Asn Val Gly Ser Phe Thr Asn
340 345 350

Gln Met Thr Pro Glu Lys His Leu Asn Ser Leu Gly Asn Leu Ala Lys
355 360 365

Ser Leu Asp Ala Glu Gln Asp Thr Thr Asn Pro Lys Pro Phe Trp Asn
370 375 380

Met Gly Glu Asn Ser Lys Gln Leu Pro Gly Pro Gln Lys Cys Ser Asp
385 390 395 400

Pro Arg Leu Leu Gln Glu Ser Phe Trp Lys Asn Tyr Ser Gln Leu Phe
405 410 415

Trp Gly Leu Pro Ser Leu His Ser Glu Ser Leu Val Ala Asn Ala Trp
420 425 430

Val Thr Asp Arg Ser Tyr Thr Leu Gln Ser Pro Pro Phe Leu Phe Asn
435 440 445

Glu Met Ser Asn Val Cys Pro Ile Gln Arg Glu Thr Thr Met Ser Pro
450 455 460

Leu Leu Phe Gln Ala Gln Pro Leu Ser His Arg Gln Pro Phe Ile Ser
465 470 475 480

Ser Thr Pro Gln Phe Leu Pro Thr Pro Met Ala Gln Ala Glu Ala Gln
485 490 495

Ala His Leu Gln Ser Ser Phe Pro Val Leu Ser Pro Ala Phe Pro Ser
500 505 510

Leu Ile Lys Asn Thr Gly Val Ala Cys Pro Ala Ser Gln Asn Lys Val
515 520 525

Gln Ala Leu Ser Leu Pro Glu Thr Gln His Pro Glu Trp Pro Leu Leu
530 535 540

Arg Lys Gln Leu Glu Gly Arg Leu Ala Leu Pro Ser Arg Val Gln Lys
545 550 555 560

Ser Gln Asp Val Phe Ser Val Ser Thr Pro Asn Leu Pro Gln Glu Ser
565 570 575

08.10.04

XPs.ST25.txt

Leu Thr Ser Ile Leu Pro Glu Asn Phe Pro Val Ser Pro Glu Leu Arg
580 585 590

Arg Gln Leu Glu Gln His Ile Lys Lys Trp Ile Ile Gln His Trp Gly
595 600 605

Asn Leu Gly Arg Ile Gln Glu Ser Leu Asp Leu Met Gln Leu Arg Asp
610 615 620

Glu Ser Pro Gly Thr Ser Gln Ala Lys Gly Lys Pro Ser Pro Trp Gln
625 630 635 640

Ser Ser Thr Ser Thr Gly Glu Ser Ser Lys Glu Ala Gln Lys Val Lys
645 650 655

Phe Gln Leu Glu Arg Asp Leu Cys Pro His Leu Gly Gln Ile Leu Gly
660 665 670

Leu Thr Pro Gln Asn Leu Ser Arg Asp Met Lys Ser Phe Pro Arg Lys
675 680 685

Val Leu Gly Val Thr Ser Glu Glu Ser Glu Arg Asn Leu Arg Lys Pro
690 695 700

Leu Arg Ser Asp Ser Gly Ser Asp Leu Leu Arg Cys Thr Glu Arg Thr
705 710 715 720

His Ile Glu Asn Ile Leu Lys Ala His Met Gly Arg Asn Leu Gly Gln
725 730 735

Thr Asn Glu Gly Leu Ile Pro Val Arg Val Arg Arg Ser Trp Leu Ala
740 745 750

Val Asn Gln Ala Leu Pro Val Ser Asn Thr His Val Lys Thr Ser Asn
755 760 765

Leu Ala Ala Pro Lys Ser Gly Lys Ala Cys Val Asn Thr Ala Gln Val
770 775 780

Leu Ser Phe Leu Glu Pro Cys Thr Gln Gln Gly Leu Gly Ala His Ile
785 790 795 800

Val Arg Phe Trp Ala Lys His Arg Trp Gly Leu Pro Leu Arg Val Leu
805 810 815

Lys Pro Ile Gln Cys Phe Lys Leu Glu Lys Val Ser Ser Leu Ser Leu
820 825 830

Thr Gln Leu Ala Gly Pro Ser Ser Ala Thr Cys Glu Ser Gly Ala Gly
835 840 845

05.10.04

XPs.ST25.txt

Ser Glu Val Glu Val Asp Met Phe Leu Arg Lys Pro Pro Met Ala Ser
850 855 860

Leu Arg Lys Gln Val Leu Thr Lys Ala Ser Asp His Met Pro Glu Ser
865 870 875 880

Leu Leu Ala Ser Ser Pro Ala Trp Lys Gln Phe Gln Arg Ala Pro Arg
885 890 895

Gly Ile Pro Ser Trp Asn Asp His Gly Pro Leu Lys Pro Pro Pro Ala
900 905 910

Gly Gln Glu Gly Arg Trp Pro Ser Lys Pro Leu Thr Tyr Ser Leu Thr
915 920 925

Gly Ser Thr Gln Gln Ser Arg Ser Leu Gly Ala Gln Ser Ser Lys Ala
930 935 940

Gly Glu Thr Arg Glu Ala Val Pro Gln Cys Arg Val Pro Leu Glu Thr
945 950 955 960

Cys Met Leu Ala Asn Leu Gln Ala Thr Ser Glu Asp Val His Gly Phe
965 970 975

Glu Ala Pro Gly Thr Ser Lys Ser Ser Leu His Pro Arg Val Ser Val
980 985 990

Ser Gln Asp Pro Arg Lys Leu Cys Leu Met Glu Glu Val Val Ser Glu
995 1000 1005

Phe Glu Pro Gly Met Ala Thr Lys Ser Glu Thr Gln Pro Gln Val
1010 1015 1020

Cys Ala Ala Val Val Leu Leu Pro Asp Gly Gln Ala Ser Val Val
1025 1030 1035

Pro His Ala Ser Glu Asn Leu Val Ser Gln Val Pro Gln Gly His
1040 1045 1050

Leu Gln Ser Met Pro Thr Gly Asn Met Arg Ala Ser Gln Glu Leu
1055 1060 1065

His Asp Leu Met Ala Ala Arg Arg Ser Lys Leu Val Gln Glu Glu
1070 1075 1080

Pro Arg Asn Pro Asn Cys Gln Gly Ser Cys Lys Ser Gln Arg Pro
1085 1090 1095

Met Phe Pro Pro Ile His Lys Ser Glu Lys Ser Arg Lys Pro Asn
1100 1105 1110

05.10.04

XPs.ST25.txt

Leu Glu Lys His Glu Glu Arg Leu Glu Gly Leu Arg Thr Pro Gln
1115 1120 1125

Leu Thr Pro Val Arg Lys Thr Glu Asp Thr His Gln Asp Glu Gly
1130 1135 1140

Val Gln Leu Leu Pro Ser Lys Lys Gln Pro Pro Ser Val Ser His
1145 1150 1155

Phe Gly Glu Asn Ile Lys Gln Phe Phe Gln Trp Ile Phe Ser Lys
1160 1165 1170

Lys Lys Ser Lys Pro Ala Pro Val Thr Ala Glu Ser Gln Lys Thr
1175 1180 1185

Val Lys Asn Arg Ser Cys Val Tyr Ser Ser Ser Ala Glu Ala Gln
1190 1195 1200

Leu Met Thr Ala Val Gly Gln Met Leu Asp Lys Lys Met Ser
1205 1210 1215

Leu Cys His Ala His His Ala Ser Lys Val Asn Gln His Lys Gln
1220 1225 1230

Lys Phe Gln Ala Pro Val Cys Gly Phe Pro Cys Asn His Arg His
1235 1240 1245

Leu Phe Tyr Ser Glu His Gly Arg Ile Leu Ser Tyr Ala Ala Ser
1250 1255 1260

Ser Gln Gln Ala Thr Leu Lys Ser Gln Gly Cys Pro Asn Arg Asp
1265 1270 1275

Arg Gln Ile Arg Asn Gln Gln Pro Leu Lys Ser Val Arg Cys Asn
1280 1285 1290

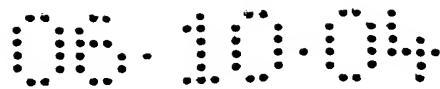
Asn Glu Gln Trp Gly Leu Arg His Pro Gln Ile Leu His Pro Lys
1295 1300 1305

Lys Ala Val Ser Pro Val Ser Pro Pro Gln His Trp Pro Lys Thr
1310 1315 1320

Ser Gly Ala Ser Ser His His His His Cys Pro Arg His Cys Leu
1325 1330 1335

Leu Trp Glu Gly Ile
1340

<210> 261
<211> 333
<212> DNA
<213> Homo sapiens



XPs.ST25.txt

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(333)
<223>

<400> 261
atg att gtg gac atc cag tct cac agc aga gtc atc tcc tat gcg ggc 48
Met Ile Val Asp Ile Gln Ser His Ser Arg Val Ile Ser Tyr Ala Gly
1 5 10 15
tgc ctg act cag gta tct ctt ttt gcc gtt ttt gga tgc atg gaa gac 96
Cys Leu Thr Gln Val Ser Leu Phe Ala Val Phe Gly Cys Met Glu Asp
20 25 30
atg ctt ctg agt gtg atg gct tat gac cgg ttt gtg gac atc tgt cac 144
Met Leu Leu Ser Val Met Ala Tyr Asp Arg Phe Val Asp Ile Cys His
35 40 45
cct ctg gat tat cca gtc atc atg aac cca tgt ttc tgt ggc ttc cta 192
Pro Leu Asp Tyr Pro Val Ile Met Asn Pro Cys Phe Cys Gly Phe Leu
50 55 60
att ttg ttg tct ttt ttt ctc agt ctt tta gac tcc cag ctg cac aat 240
Val Leu Leu Ser Phe Phe Leu Ser Leu Leu Asp Ser Gln Leu His Asn
65 70 75 80
tgg att gcc tta caa att acc tgc ttc aag gat gtg gaa att ccc aat 288
Trp Ile Ala Leu Gln Ile Thr Cys Phe Lys Asp Val Glu Ile Pro Asn
85 90 95
ttc ttc tgt gac cct tct caa ctc ccc cac cct tgc ctg ttg tga 333
Phe Phe Cys Asp Pro Ser Gln Leu Pro His Pro Cys Leu Leu
100 105 110

<210> 262
<211> 110
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 262
Met Ile Val Asp Ile Gln Ser His Ser Arg Val Ile Ser Tyr Ala Gly
1 5 10 15
Cys Leu Thr Gln Val Ser Leu Phe Ala Val Phe Gly Cys Met Glu Asp
20 25 30
Met Leu Leu Ser Val Met Ala Tyr Asp Arg Phe Val Asp Ile Cys His
35 40 45
Pro Leu Asp Tyr Pro Val Ile Met Asn Pro Cys Phe Cys Gly Phe Leu
50 55 60
Val Leu Leu Ser Phe Phe Leu Ser Leu Leu Asp Ser Gln Leu His Asn
65 70 75 80
Trp Ile Ala Leu Gln Ile Thr Cys Phe Lys Asp Val Glu Ile Pro Asn
85 90 95
Phe Phe Cys Asp Pro Ser Gln Leu Pro His Pro Cys Leu Leu

05.10.04

XPs.ST25.txt
105

100

110

<210> 263
<211> 570
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(570)
<223>

<400> 263
atg gca gta att gtg ctt ttg gtc atc gcc atc gtc gtc atc atc atg 48
Met Ala Val Ile Val Leu Leu Val Ile Ala Ile Val Val Ile Ile Met
1 5 10 15
gtt att ggt tgt tta tcc aca ggg aca gcg gga cac ctg gag att tac 96
Val Ile Gly Cys Leu Ser Thr Gly Thr Ala Gly His Leu Glu Ile Tyr
20 25 30
atg gga gct cct atg gag gcc ttt gta aac aac cca aga aaa caa cag 144
Met Gly Ala Pro Met Glu Ala Phe Val Asn Asn Pro Arg Lys Gln Gln
35 40 45
tcc ctt gta gat tct gta aat gtg atc gag gct ctg ctg aac aca gag 192
Ser Leu Val Asp Ser Val Asn Val Ile Glu Ala Leu Leu Asn Thr Glu
50 55 60
gct cag agt gtg gcc aag ggc agg agt agt tgg gga aag gga gag gca 240
Ala Gln Ser Val Ala Lys Gly Arg Ser Ser Trp Gly Lys Gly Glu Ala
65 70 75 80
gtt cgt ttt aca gat gag caa atg aag ctg gga gaa att cag tta ctc 288
Val Arg Phe Thr Asp Glu Gln Met Lys Leu Gly Glu Ile Gln Leu Leu
85 90 95
att cca gcc ctt gca cgg cga agg aga gaa gac cca gac act tta tct 336
Ile Pro Ala Leu Ala Arg Arg Arg Arg Glu Asp Pro Asp Thr Leu Ser
100 105 110
gag gaa ggt tct gga gcc att gtt gct gcc gtt gtg gtg gtt gtc atc 384
Glu Glu Gly Ser Gly Ala Ile Val Ala Ala Val Val Val Val Val Ile
115 120 125
c atc ttc acc gtg gtt ctg atc ctg ctg aag atg tac aac agg aaa 432
Le Ile Phe Thr Val Val Leu Ile Leu Leu Lys Met Tyr Asn Arg Lys
130 135 140
atg agg acg agg cgg gaa cta gag ccc aag ggc ccc aag cca acc gcc 480
Met Arg Thr Arg Arg Glu Leu Glu Pro Lys Gly Pro Lys Pro Thr Ala
145 150 155 160
cct tct gcc gtg ggc cca aac agc aac ggc agc caa cac cca gca act 528
Pro Ser Ala Val Gly Pro Asn Ser Asn Gly Ser Gln His Pro Ala Thr
165 170 175
gtg acc ttc agt cct gtt gac gtc cag gtg gag acg cga tga 570
Val Thr Phe Ser Pro Val Asp Val Gln Val Glu Thr Arg
180 185

<210> 264
<211> 189
<212> PRT
<213> Homo sapiens

05.10.04

XPs.ST25.txt

<400> 264

Met Ala Val Ile Val Leu Leu Val Ile Ala Ile Val Val Ile Ile Met
1 5 10 15

Val Ile Gly Cys Leu Ser Thr Gly Thr Ala Gly His Leu Glu Ile Tyr
20 25 30

Met Gly Ala Pro Met Glu Ala Phe Val Asn Asn Pro Arg Lys Gln Gln
35 40 45

Ser Leu Val Asp Ser Val Asn Val Ile Glu Ala Leu Leu Asn Thr Glu
50 55 60

Ala Gln Ser Val Ala Lys Gly Arg Ser Ser Trp Gly Lys Gly Glu Ala
65 70 75 80

Val Arg Phe Thr Asp Glu Gln Met Lys Leu Gly Glu Ile Gln Leu Leu
85 90 95

Ile Pro Ala Leu Ala Arg Arg Arg Arg Glu Asp Pro Asp Thr Leu Ser
100 105 110

Glu Glu Gly Ser Gly Ala Ile Val Ala Ala Val Val Val Val Ile
115 120 125

Ile Ile Phe Thr Val Val Leu Ile Leu Leu Lys Met Tyr Asn Arg Lys
130 135 140

Met Arg Thr Arg Arg Glu Leu Glu Pro Lys Gly Pro Lys Pro Thr Ala
145 150 155 160

Pro Ser Ala Val Gly Pro Asn Ser Asn Gly Ser Gln His Pro Ala Thr
165 170 175

Thr Phe Ser Pro Val Asp Val Gln Val Glu Thr Arg
180 185

<210> 265
<211> 945
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(945)
<223>

<400> 265

atg gat gga acc aat ggc agc acc caa acc cat ttc atc cta ctg gga
Met Asp Gly Thr Asn Gly Ser Thr Gln Thr His Phe Ile Leu Leu Gly
1 5 10 15

48

ttc tct gac cga ccc cat ctg gag agg atc ctc ttt gtg gtc atc ctg
Phe Ser Asp Arg Pro His Leu Glu Arg Ile Leu Phe Val Val Ile Leu
20 25 30

96

05.10.04

XPs.ST25.txt

atc gcg tac ctc ctg acc ctc gta ggc aac acc acc atc atc ctg gtg Ile Ala Tyr 35 Leu Leu Thr Leu Val 40 Gly Asn Thr Thr 45 Ile Leu Val	144
tcc cgg ctg gac ccc cac ctc cac acc ccc atg tac ttc ttc ctc gcc Ser Arg Leu Asp Pro His Leu 55 His Thr Pro Met 60 Phe Phe Leu Ala	192
cac ctt tcc ttc ctg gac ctc agt ttc acc acc agc tcc atc ccc cag His Leu Ser Phe Leu 70 Asp Leu Ser Phe Thr 75 Thr Ser Ser Ile Pro Gln 80	240
ctg ctc tac aac ctt aat gga tgt gac aag acc atc agc tac atg ggc Leu Leu Tyr Asn 85 Leu Asn Gly Cys Asp Lys Thr 90 Ile Ser Tyr Met 95 Gly	288
tgt gcc atc cag ctc ttc ctg ttc ctg ggt ctg ggt ggt gtg gag tgc Cys Ala Ile 100 Gln Leu Phe Leu Phe 105 Gly Leu Gly Gly Val 110 Glu Cys	336
ctg ctt ctg gct gtc atg gcc tat gac cgg tgt gtg gct atc tgc aag Leu Leu Leu Ala Val Met Ala Tyr 120 Asp Arg Cys Val 125 Ala Ile Cys Lys	384
ccc ctg cac tac atg gtg atc atg aac ccc agg ctc tgc cgg ggc ttg Pro Leu His Tyr Met Val 135 Ile Met Asn Pro Arg 140 Leu Cys Arg Gly Leu	432
gtg tca gtg acc tgg ggc tgt ggg gtg gcc aac tcc ttg gcc atg tct Val Ser Val Thr Trp 150 Gly Cys Gly Val Ala Asn 155 Ser Leu Ala Met Ser 160	480
cct gtg acc ctg cgc tta ccc cgc tgt ggg cac cac gag gtg gac cac Pro Val Thr Leu Arg 165 Leu Pro Arg Cys 170 Gly His His Glu Val Asp His 175	528
ttc ctg cgt gag atg ccc gcc ctg atc cgg atg gcc tgc gtc agc act Phe Leu Arg Glu Met Pro Ala Leu 185 Ile Arg Met Ala Cys 190 Val Ser Thr	576
gtg gcc atc gaa ggc acc gtc ttt gtc ctg gcg gtg ggt gtt gtg ctg Val Ala Ile 195 Glu Gly Thr Val Phe 200 Val Leu Ala Val Gly 205 Val Val Leu	624
ccc ccc ttg gtg ttt atc ctg ctc tct tac agc tac att gtg agg gct Pro Leu Val Phe Ile Leu 215 Leu Ser Tyr Ser 220 Tyr Ile Val Arg Ala	672
gtg tta caa att cgg tca gca tca gga agg cag aag gcc ttc ggc acc Val Leu Gln Ile Arg Ser Ala Ser Gly Arg Gln Lys Ala Phe Gly Thr 240	720
tgc ggc tcc cat ctc act gtg gtc tcc ctt ttc tat gga aac atc atc Cys Gly Ser His 245 Leu Thr Val Val Ser Leu Phe Tyr Gly Asn Ile Ile 255	768
tac atg tac atg cag cca gga gcc agt tct tcc cag gac cag ggc atg Tyr Met Tyr Met 260 Gln Pro Gly Ala Ser 265 Ser Ser Ser Gln Asp Gln Gly Met 270	816
ttc ctc atg ctc ttc tac aac att gtc acc ccc ctc ctc aat cct ctc Phe Leu Met 275 Leu Phe Tyr Asn Ile Val Thr Pro Leu Leu Asn Pro Leu 285	864
atc tac acc ctc aga aac aga gag gtg aag ggg gca ctg gga agg ttg Ile Tyr Thr Leu Arg Asn 295 Arg Glu Val Lys Gly Ala 300 Leu Gly Arg Leu	912

06.10.04

XP5.ST25.txt

945

ctt ctg ggg aag aga gag cta gga aag gag taa
Leu Leu Gly Lys Arg Glu Leu Gly Lys Glu
305 310

<210> 266
<211> 314
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 266

Met Asp Gly Thr Asn Gly Ser Thr Gln Thr His Phe Ile Leu Leu Gly
1 5 10 15

Phe Ser Asp Arg Pro His Leu Glu Arg Ile Leu Phe Val Val Ile Leu
20 25 30

Ile Ala Tyr Leu Leu Thr Leu Val Gly Asn Thr Thr Ile Ile Leu Val
35 40 45

Ser Arg Leu Asp Pro His Leu His Thr Pro Met Tyr Phe Phe Leu Ala
50 55 60

His Leu Ser Phe Leu Asp Leu Ser Phe Thr Thr Ser Ser Ile Pro Gln
65 70 75 80

Leu Leu Tyr Asn Leu Asn Gly Cys Asp Lys Thr Ile Ser Tyr Met Gly
85 90 95

Cys Ala Ile Gln Leu Phe Leu Phe Leu Gly Leu Gly Gly Val Glu Cys
100 105 110

Leu Leu Leu Ala Val Met Ala Tyr Asp Arg Cys Val Ala Ile Cys Lys
115 120 125

Pro Leu His Tyr Met Val Ile Met Asn Pro Arg Leu Cys Arg Gly Leu
130 135 140

Val Ser Val Thr Trp Gly Cys Gly Val Ala Asn Ser Leu Ala Met Ser
145 150 155 160

Pro Val Thr Leu Arg Leu Pro Arg Cys Gly His His Glu Val Asp His
165 170 175

Phe Leu Arg Glu Met Pro Ala Leu Ile Arg Met Ala Cys Val Ser Thr
180 185 190

Val Ala Ile Glu Gly Thr Val Phe Val Leu Ala Val Gly Val Val Leu
195 200 205

Ser Pro Leu Val Phe Ile Leu Leu Ser Tyr Ser Tyr Ile Val Arg Ala
210 215 220

08.10.04

XP5.ST25.txt

Val Leu Gln Ile Arg Ser Ala Ser Gly Arg Gln Lys Ala Phe Gly Thr
225 230 235 240

Cys Gly Ser His Leu Thr Val Val Ser Leu Phe Tyr Gly Asn Ile Ile
245 250 255

Tyr Met Tyr Met Gln Pro Gly Ala Ser Ser Ser Gln Asp Gln Gly Met
260 265 270

Phe Leu Met Leu Phe Tyr Asn Ile Val Thr Pro Leu Leu Asn Pro Leu
275 280 285

Ile Tyr Thr Leu Arg Asn Arg Glu Val Lys Gly Ala Leu Gly Arg Leu
290 295 300

Leu Leu Gly Lys Arg Glu Leu Gly Lys Glu
305 310

<210> 267
<211> 2285
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1624)..(1899)
<223>

<400> 267
aatttcaata gggctgagat gttttggagc atggtagatg ggcattcactc ctactgaggc 60
ttgcaggcaa agaggaagac agatattgac atttctcagc actggtacat gtgctgcaag 120
tcacctattg gtcagttgta agagcaggtg caggacagtg tatatacaag tcaacactgg 180
gagaggcaca tgtaagagct gagggcttat agcaaggctt gggcaaagca aggggtatgg 240
ttgagccaga aagtctatga gaatgaaaag gccaggggta gaacctcagg cctcagatct 300
gtttaaatac ctaaaaacta ctattgtgc ttctgttgca gacaatgcat aggagtgaat 360
gagacagaaa gcaagaccat gaggatgact aagaagagca agtacaacat ggctgagact 420
aagtgtccag ggagttgaga ataagtggcc tattgtcatg tcctatataa gtagagtata 480
tggatgggag gccaagaata caccaacaaa taaaatattg aatataatcg tcaagggcat 540
atcgagatga tcaggatgct gcctattgga atgtttatcc tcccacccta cccagaaga 600
ggagcttctc gtcttgttca ccgctgtttc ccagctcctg gaagagcctg gcacataaaa 660
ggtgcacaat gaacattcat taaaatcaat gattaattga actggctagt attccatctc 720
actttcatta ctggagaact gaagagccag ctagcctaca aaaactcatt ctggatgtag 780
aagcaataag aaaacatgca ttcaaataaa agcagagaat ctttctaata tttcttcatg 840
tgtctatctt ttcccatccc caacacattt attttccttg acctacaaag gatctgtttt 900
gtccatgatg agtcccaaaa acagccctca aagtggttct cccacactac cccactccac 960

05.10.04

XPs.ST25.txt

tgatgctgca tcacatggta ggggtgttgcc ttgtcctcc atgcagggag cttttctcag	1020
caccactaag gtaccagggga agtggttaact gggaacaatt ttccccaata cagataaagc	1080
ctagataaaa agtaggggtga tacataggca aggggtagat ggggccttcc tagaggacac	1140
tatgtcttcc tgaatttagt ccattcataa tcaacaaacc agccctactg atttaatgcc	1200
taggctctgc tgcctgacta tatttagcaa agcttttgaa tggcagagtg atttcctata	1260
ggaatactga gttttttcca gggacagatg tagccttggt acattgtctg gttatgtagg	1320
atTTTTTTTT tTTTTTTTT ttttactgca cttgtgctgt tctcTTTTTT tcaacttata	1380
gctggagacc gttttctgct acctcaaaac ctttttgaaa ttaaccagta ataaataaga	1440
tctttctcta tagacagctt ttttcaaagg aataaaagaa ttagaaaata tggaggatcc	1500
atagtatgca cgccttttgt tcttgagcct aacatgggtga cttgctcaca gcctcactgg	1560
atagatactg gttagataaa tgaaagcatt cattaatcaa tgtgatgtga agaatttaga	1620
gaa atg att cct att tct ctc agt cta aca agg gga aat agt cca ata	1668
Met Ile Pro Ile Ser Leu Ser Leu Thr Arg Gly Asn Ser Pro Ile	
1 5 10 15	
aac ata tct gta agt tta ata gaa ttt gta agt tcc ttt gaa tat ttg	1716
Asn Ile Ser Val Ser Leu Ile Glu Phe Val Ser Ser Phe Glu Tyr Leu	
20 25 30	
gaa atc tat gat ttc att ttt aag aca cac aga atc tat tat gat aga	1764
Glu Ile Tyr Asp Phe Ile Phe Lys Thr His Arg Ile Tyr Tyr Asp Arg	
35 40 45	
gca ctg aat ttt att cag tta ggt aat ttt gtg cct ctt att ttt aac	1812
Ala Leu Asn Phe Ile Gln Leu Gly Asn Phe Val Pro Leu Ile Phe Asn	
50 55 60	
cag ttt ggt gtc ttt ctt gtg ctt ttc act ata gta ttc atg gat cct	1860
Gln Phe Gly Val Phe Leu Val Leu Phe Thr Ile Val Phe Met Asp Pro	
65 70 75	
att aac agt aaa gaa agt ggc aga cgc cag gca tgg tag ctcatgcctg	1909
Ile Asn Ser Lys Glu Ser Gly Arg Arg Gln Ala Trp	
80 85 90	
atccccagc actttgagag gctgaagcag aattatttga ggccaggagt tcaagaccag	1969
cctgggcaac atagtgagaa cttttttgtt gttactgttg ttgttgTTTT ttaaagagag	2029
agtagagata ctaggttact ccgtggtgag gcttgggatg gtggtgggaa tggagtggag	2089
gagggacttc cttcccaatg actagatatg tcttaatttg taagacggct ctctcccatg	2149
tgactttctc tcctctacct atgtcaactt tgtgttgggga gtgttcagga caatatgtga	2209
atggaaaatt cataaatgaa tgtaccaata gaaataaaga tacatgtggg tgttgctttt	2269
tcactttttc aatgaa	2285

<210> 268
 <211> 91
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 268

05.10.04

XPs.ST25.txt

Met Ile Pro Ile Ser Leu Ser Leu Thr Arg Gly Asn Ser Pro Ile Asn
1 5 10 15

Ile Ser Val Ser Leu Ile Glu Phe Val Ser Ser Phe Glu Tyr Leu Glu
20 25 30

Ile Tyr Asp Phe Ile Phe Lys Thr His Arg Ile Tyr Tyr Asp Arg Ala
35 40 45

Leu Asn Phe Ile Gln Leu Gly Asn Phe Val Pro Leu Ile Phe Asn Gln
50 55 60

Phe Gly Val Phe Leu Val Leu Phe Thr Ile Val Phe Met Asp Pro Ile
65 70 75 80

Asn Ser Lys Glu Ser Gly Arg Arg Gln Ala Trp
85 90

<10> 269
<211> 933
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(933)
<223>

<400> 269
atg gaa gag gaa aat gca aca ttg ctg aca gag ttt gtt ctc aca gga 48
Met Glu Glu Glu Asn Ala Thr Leu Leu Thr Glu Phe Val Leu Thr Gly
1 5 10 15

ttt tta tat caa cca cag tgg aaa ata ccc ctg ttc ctg gca ttc ttg 96
Phe Leu Tyr Gln Pro Gln Trp Lys Ile Pro Leu Phe Leu Ala Phe Leu
20 25 30

gta ata tat ctc atc acc atc atg ggg aat ctt ggt ctg att gct gtc 144
Val Ile Tyr Leu Ile Thr Ile Met Gly Asn Leu Gly Leu Ile Ala Val
35 40 45

acc tgg aaa gac cct cat ctt cat atc cca atg tac tta ctc ctt ggg 192
Ile Trp Lys Asp Pro His Leu His Ile Pro Met Tyr Leu Leu Leu Gly
50 55 60

aat tta gct ttt gtg gat gct ttg tta tca tcc tca gtg act ctg aag 240
Asn Leu Ala Phe Val Asp Ala Leu Leu Ser Ser Ser Val Thr Leu Lys
65 70 75 80

atg ctg atc aac ttc tta gct aag agt aag atg ata tct ctc tct gaa 288
Met Leu Ile Asn Phe Leu Ala Lys Ser Lys Met Ile Ser Leu Ser Glu
85 90 95

tgc aag ata cag ttg ttt tcg ttt gca atc agt gta acc acg gaa tgt 336
Cys Lys Ile Gln Leu Phe Ser Phe Ala Ile Ser Val Thr Thr Glu Cys
100 105 110

ttt ctc ttg gca aca atg gca tat gat cgc tat gta gcc ata tgc aaa 384
Phe Leu Leu Ala Thr Met Ala Tyr Asp Arg Tyr Val Ala Ile Cys Lys
115 120 125

ccc tta ctt tat cca gcc att atg acc aat gga ctg tgc atc cgg cta 432

05.10.04

XPs.ST25.txt

Pro	Leu	Leu	Tyr	Pro	Ala	Ile	Met	Thr	Asn	Gly	Leu	Cys	Ile	Arg	Leu	
	130					135					140					
tta	atc	ttg	tca	tat	gta	ggg	ggg	ctt	ctt	cat	gct	tta	atc	cat	gaa	480
Leu	Ile	Leu	Ser	Tyr	Val	Gly	Gly	Leu	Leu	His	Ala	Leu	Ile	His	Glu	
145					150					155					160	
gga	ttt	tta	ttc	aga	cta	acc	ttc	tgt	aac	tcc	aac	ata	ata	caa	cac	528
Gly	Phe	Leu	Phe	Arg	Leu	Thr	Phe	Cys	Asn	Ser	Asn	Ile	Ile	Gln	His	
				165					170					175		
ttt	tac	tgt	gac	att	atc	cca	ttg	tta	aag	att	tct	tat	act	gat	tcc	576
Phe	Tyr	Cys	Asp	Ile	Ile	Pro	Leu	Leu	Lys	Ile	Ser	Tyr	Thr	Asp	Ser	
			180					185					190			
tct	att	aac	ttt	cta	atg	gtt	ttt	att	ttt	gca	ggg	tca	att	caa	gtt	624
Ser	Ile	Asn	Phe	Leu	Met	Val	Phe	Ile	Phe	Ala	Gly	Ser	Ile	Gln	Val	
		195					200					205				
ttt	acc	ata	ggg	act	gtt	ctt	ata	tct	tac	ata	ttt	gtc	ctc	tat	aca	672
Phe	Thr	Ile	Gly	Thr	Val	Leu	Ile	Ser	Tyr	Ile	Phe	Val	Leu	Tyr	Thr	
	210					215					220					
c	ttg	aaa	aag	aag	tct	gtc	aaa	ggg	atg	aga	aaa	gcc	ttc	tcc	acc	720
e	Leu	Lys	Lys	Lys	Ser	Val	Lys	Gly	Met	Arg	Lys	Ala	Phe	Ser	Thr	
225					230					235					240	
tgt	gga	gct	cat	ctc	tta	tct	gta	tct	tta	tac	tat	ggg	ccc	ctc	gcc	768
Cys	Gly	Ala	His	Leu	Leu	Ser	Val	Ser	Leu	Tyr	Tyr	Gly	Pro	Leu	Ala	
				245					250					255		
ttc	atg	tat	atg	ggc	tct	gca	tcc	cca	cag	gct	gat	gac	caa	gat	atg	816
Phe	Met	Tyr	Met	Gly	Ser	Ala	Ser	Pro	Gln	Ala	Asp	Asp	Gln	Asp	Met	
			260					265					270			
atg	gag	tct	cta	ttt	tac	act	gtc	ata	gtt	cct	tta	tta	aat	ccc	atg	864
Met	Glu	Ser	Leu	Phe	Tyr	Thr	Val	Ile	Val	Pro	Leu	Leu	Asn	Pro	Met	
		275					280					285				
atc	tac	agc	ctg	aga	aac	aag	caa	gta	ata	gct	tca	ttc	aca	aaa	atg	912
Ile	Tyr	Ser	Leu	Arg	Asn	Lys	Gln	Val	Ile	Ala	Ser	Phe	Thr	Lys	Met	
	290					295					300					
ttc	aaa	aga	aat	gat	gtt	tag										933
Phe	Lys	Arg	Asn	Asp	Val											
305					310											

<210> 270
 <211> 310
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 270

Met Glu Glu Glu Asn Ala Thr Leu Leu Thr Glu Phe Val Leu Thr Gly
 1 5 10 15

Phe Leu Tyr Gln Pro Gln Trp Lys Ile Pro Leu Phe Leu Ala Phe Leu
 20 25 30

Val Ile Tyr Leu Ile Thr Ile Met Gly Asn Leu Gly Leu Ile Ala Val
 35 40 45

Ile Trp Lys Asp Pro His Leu His Ile Pro Met Tyr Leu Leu Leu Gly
 Seite 402

05.10.04

XPs.ST25.txt
60

50

55

Asn Leu Ala Phe Val Asp Ala Leu Leu Ser Ser Ser Val Thr Leu Lys
65 70 75 80

Met Leu Ile Asn Phe Leu Ala Lys Ser Lys Met Ile Ser Leu Ser Glu
85 90 95

Cys Lys Ile Gln Leu Phe Ser Phe Ala Ile Ser Val Thr Thr Glu Cys
100 105 110

Phe Leu Leu Ala Thr Met Ala Tyr Asp Arg Tyr Val Ala Ile Cys Lys
115 120 125

Pro Leu Leu Tyr Pro Ala Ile Met Thr Asn Gly Leu Cys Ile Arg Leu
130 135 140

Leu Ile Leu Ser Tyr Val Gly Gly Leu Leu His Ala Leu Ile His Glu
145 150 155 160

Gly Phe Leu Phe Arg Leu Thr Phe Cys Asn Ser Asn Ile Ile Gln His
165 170 175

Phe Tyr Cys Asp Ile Ile Pro Leu Leu Lys Ile Ser Tyr Thr Asp Ser
180 185 190

Ser Ile Asn Phe Leu Met Val Phe Ile Phe Ala Gly Ser Ile Gln Val
195 200 205

Phe Thr Ile Gly Thr Val Leu Ile Ser Tyr Ile Phe Val Leu Tyr Thr
210 215 220

Ile Leu Lys Lys Lys Ser Val Lys Gly Met Arg Lys Ala Phe Ser Thr
225 230 235 240

As Gly Ala His Leu Leu Ser Val Ser Leu Tyr Tyr Gly Pro Leu Ala
245 250 255

Phe Met Tyr Met Gly Ser Ala Ser Pro Gln Ala Asp Asp Gln Asp Met
260 265 270

Met Glu Ser Leu Phe Tyr Thr Val Ile Val Pro Leu Leu Asn Pro Met
275 280 285

Ile Tyr Ser Leu Arg Asn Lys Gln Val Ile Ala Ser Phe Thr Lys Met
290 295 300

Phe Lys Arg Asn Asp Val
305 310

<210> 271

05.10.04

XPs.ST25.txt

<211> 1538
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (133)..(453)
<223>

<400> 271
acaatggcca ggggtggcctc agctcagggc ctctgtgaca tcaccaaggg cctggcacca 60
ggtgcccagt cttccagttg cgagggcaag caaaccgctc atgagcaact cccttcccca 120
tctctgtctca cc atg tgg acg ctg aaa tcg tcc ctg gtc ctg ctt ctg tgc 171
Met Trp Thr Leu Lys Ser Ser Leu Val Leu Leu Leu Cys
1 5 10
ctc acc tgc agc tat gcc ttt atg ttc tct tct ctg aga cag aaa act 219
Leu Thr Cys Ser Tyr Ala Phe Met Phe Ser Ser Leu Arg Gln Lys Thr
15 20 25
gac gaa ccc cag ggg aag gtg ccg tgt gga gag cac ttt cgg att cgg 267
Glu Pro Gln Gly Lys Val Pro Cys Gly Glu His Phe Arg Ile Arg
35 40 45
cag aac cta cca gag cac acc caa ggc tgg ctt ggg agc aaa tgg ctc 315
Gln Asn Leu Pro Glu His Thr Gln Gly Trp Leu Gly Ser Lys Trp Leu
50 55 60
tgg ctt ttg ttt gct gtt gtg ccg ttt gtg ata ctg cag tgt caa aga 363
Trp Leu Leu Phe Ala Val Val Pro Phe Val Ile Leu Gln Cys Gln Arg
65 70 75
gac agt gag aag aat aag gta agg atg gct cca ttt ttt tta cac cat 411
Asp Ser Glu Lys Asn Lys Val Arg Met Ala Pro Phe Phe Leu His His
80 85 90
att gat tca atc tca gga gtc tca ggg aaa cgg atg ttc tag 453
Ile Asp Ser Ile Ser Gly Val Ser Gly Lys Arg Met Phe
95 100 105
tgagtctagg cggcaccgtt ggggtataatg aaccgacctc atggctcctgg gcaaagctgg 513
caaattcact tcctgatgta tccttagtga agacaatagt ccccatatcc acagatattg 573
acaaacag tggaagatga cctctagttt cttgggtcaa agttcttctg gttagatgga 633
ttttttcaaa tgtaggatag attcaagaac tcagccgggc gcagtgggtc atgctgtaat 693
cccatcactt tgggaggcca gggcaggtgg attgcctgag gtcgggagtt tgagaacagc 753
ctggccaaca cgggtgaaacc ccatctctac taaaaatata aaaattagct gggcatggcg 813
gcgtgtgtct gtaatcccag ctactcggga ggctgaggca gaagaatggc ttgaaccctg 873
gaggcagagg ttgtggtgag ctgagatcac actactgcac tcctgcatgg gcgactgaga 933
ctctgtctca aaataaagaa cttatggtgt gttttagaag gtcaaaatta tattattcac 993
agggccaaat tcaactgttcc cttgcttttt acatttttcc tagtgcttga cttactgaaa 1053
attcctgagc taaatggaaa tgatatcatc ccaacaaaat atgaaacttc tgtaaggaga 1113
taaagggtgta ggccgggcac agtgggtcat gcctgtaatc ccagaacttt gggaggccga 1173
gacgggcaga tcaactgagg tcaggagatt gagaccagcc tggccaacat ggtgaaacct 1233

06.10.04

XP_S.ST25.txt
cgtcttttact aaaaatacag aaattaggcc aggcgcggtg gctcaccct gtaatcctag 1293
cacttttgga ggctgaggcg ggtgaatcac gaggtcagga gttcgagacc agctgggcaa 1353
catggtgaaa ccctgtctct actaaaaata caaacctag ctgggcgtag tggcgggcgc 1413
ctgtaatccc agctactcgg gaggtcgagg caggagaatc acttgaaccc tggaggcaga 1473
gggtgtagtg agccgagatg gagccactgc actccagccc aggtgacaga gtgagactct 1533
gtctc 1538

<210> 272
<211> 106
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 272

Met Trp Thr Leu Lys Ser Ser Leu Val Leu Leu Leu Cys Leu Thr Cys
1 5 10 15

Trp Tyr Ala Phe Met Phe Ser Ser Leu Arg Gln Lys Thr Ser Glu Pro
20 25 30

Gln Gly Lys Val Pro Cys Gly Glu His Phe Arg Ile Arg Gln Asn Leu
35 40 45

Pro Glu His Thr Gln Gly Trp Leu Gly Ser Lys Trp Leu Trp Leu Leu
50 55 60

Phe Ala Val Val Pro Phe Val Ile Leu Gln Cys Gln Arg Asp Ser Glu
65 70 75 80

Lys Asn Lys Val Arg Met Ala Pro Phe Phe Leu His His Ile Asp Ser
85 90 95

Ile Ser Gly Val Ser Gly Lys Arg Met Phe
100 105

<210> 273
<211> 3136
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (166)..(2490)
<223>

<400> 273
gtcgccgccc ctaccgccgc cgccgccgca gggcccgccc ctgggatgcc gagcgcccgc 60
gccgccgctg cctctgtcct ccgcgcgctg ctcagctgaa ggcgcacagg attcaattac 120
tggacttgtc aactctgccca gtgtacgtgc catttctctt ccact atg aga gga ccg 177
Met Arg Gly Pro
1

att gta ttg cac att tgt ctg gct ttc tgt agc ctt ctg ctt ttc agc 225
Seite 405

08.10.04

XPs.ST25.txt

Ile	Val	Leu	His	Ile	Cys	Leu	Ala	Phe	Cys	Ser	Leu	Leu	Leu	Phe	Ser		
5					10					15					20		
ggt	gcc	aca	caa	tgt	ctg	gcc	ttc	ccc	aaa	ata	gaa	agg	agg	agg	gag	273	
Val	Ala	Thr	Gln	Cys	Leu	Ala	Phe	Pro	Lys	Ile	Glu	Arg	Arg	Arg	Glu		
			25						30					35			
ata	gca	cat	ggt	cat	gcg	gaa	aaa	ggg	cag	tcc	gat	aag	atg	aac	acc	321	
Ile	Ala	His	Val	His	Ala	Glu	Lys	Gly	Gln	Ser	Asp	Lys	Met	Asn	Thr		
			40					45					50				
gat	gac	cta	gaa	aat	agc	tct	ggt	acc	tca	aag	cag	act	ccc	caa	ctg	369	
Asp	Asp	Leu	Glu	Asn	Ser	Ser	Val	Thr	Ser	Lys	Gln	Thr	Pro	Gln	Leu		
		55					60					65					
gtg	gtc	tct	gaa	gat	cca	atg	atg	atg	tca	gca	gta	cca	tcg	gca	aca	417	
Val	Val	Ser	Glu	Asp	Pro	Met	Met	Met	Ser	Ala	Val	Pro	Ser	Ala	Thr		
		70				75					80						
tca	tta	aat	aaa	gca	ttc	tcg	att	aac	aaa	gaa	acc	cag	cct	gga	caa	465	
Ser	Leu	Asn	Lys	Ala	Phe	Ser	Ile	Asn	Lys	Glu	Thr	Gln	Pro	Gly	Gln		
					90					95					100		
ctt	ggg	ctc	atg	caa	aca	gaa	cgc	cct	ggt	ggt	tcc	aca	cct	act	gag	513	
Ile	Gly	Leu	Met	Gln	Thr	Glu	Arg	Pro	Gly	Val	Ser	Thr	Pro	Thr	Glu		
				105					110					115			
tca	ggt	gtc	ccc	tca	gct	gaa	gaa	gta	ttt	ggt	tcc	agc	cag	cca	gag	561	
Ser	Gly	Val	Pro	Ser	Ala	Glu	Glu	Val	Phe	Gly	Ser	Ser	Gln	Pro	Glu		
			120					125					130				
aga	ata	tct	cct	gaa	agt	gga	ctt	gcc	aag	gcc	atg	tta	acc	att	gct	609	
Arg	Ile	Ser	Pro	Glu	Ser	Gly	Leu	Ala	Lys	Ala	Met	Leu	Thr	Ile	Ala		
			135				140					145					
atc	act	gcg	act	cct	tct	ctg	act	ggt	gat	gaa	aag	gag	gaa	ctc	ctt	657	
Ile	Thr	Ala	Thr	Pro	Ser	Leu	Thr	Val	Asp	Glu	Lys	Glu	Glu	Leu	Leu		
			150			155					160						
aca	agc	act	aac	ttt	cag	ccc	att	gta	gaa	gag	atc	aca	gaa	acc	aca	705	
Thr	Ser	Thr	Asn	Phe	Gln	Pro	Ile	Val	Glu	Glu	Ile	Thr	Glu	Thr	Thr		
					170					175					180		
aaa	ggt	ttt	ctg	aag	tat	atg	gat	aat	caa	tca	ttt	gca	act	gaa	agt	753	
Lys	Gly	Phe	Leu	Lys	Tyr	Met	Asp	Asn	Gln	Ser	Phe	Ala	Thr	Glu	Ser		
				185					190					195			
gag	gaa	gga	ggt	ggt	ttg	gga	cat	tca	cct	tca	tcc	tat	gtg	aat	act	801	
Gln	Glu	Gly	Val	Gly	Leu	Gly	His	Ser	Pro	Ser	Ser	Tyr	Val	Asn	Thr		
			200					205					210				
aag	gaa	atg	cta	acc	acc	aat	cca	aag	act	gag	aaa	ttt	gaa	gca	gac	849	
Lys	Glu	Met	Leu	Thr	Thr	Asn	Pro	Lys	Thr	Glu	Lys	Phe	Glu	Ala	Asp		
		215					220					225					
aca	gac	cac	agg	aca	act	tct	ttt	cct	ggt	gct	gag	tcc	aca	gca	ggc	897	
Thr	Asp	His	Arg	Thr	Thr	Ser	Phe	Pro	Gly	Ala	Glu	Ser	Thr	Ala	Gly		
						235					240						
agt	gag	cct	gga	agc	ctc	acc	cct	gat	aag	gag	aag	cct	tcg	cag	atg	945	
Ser	Glu	Pro	Gly	Ser	Leu	Thr	Pro	Asp	Lys	Glu	Lys	Pro	Ser	Gln	Met		
					250					255					260		
aca	gct	gat	aac	acc	cag	gct	gct	gcc	acc	aag	caa	cca	ctc	gaa	act	993	
Thr	Ala	Asp	Asn	Thr	Gln	Ala	Ala	Ala	Thr	Lys	Gln	Pro	Leu	Glu	Thr		
				265				270						275			
tcc	gag	tac	acc	ctg	agt	ggt	gag	cca	gaa	act	gat	agt	ctg	ctg	gga	1041	

05.10.04

XPs.ST25.txt

Ser	Glu	Tyr	Thr	Leu	Ser	Val	Glu	Pro	Glu	Thr	Asp	Ser	Leu	Leu	Gly		
			280					285					290				
gcc	cca	gaa	gtc	aca	gtg	agt	gtc	agc	aca	gct	gtt	cca	gct	gcc	tct	1089	
Ala	Pro	Glu	Val	Thr	Val	Ser	Val	Ser	Thr	Ala	Val	Pro	Ala	Ala	Ser		
		295					300					305					
gcc	tta	agt	gat	gag	tgg	gat	gac	acc	aaa	tta	gag	agt	gta	agc	cgg	1137	
Ala	Leu	Ser	Asp	Glu	Trp	Asp	Asp	Thr	Lys	Leu	Glu	Ser	Val	Ser	Arg		
	310					315					320						
ata	agg	acc	ccc	aag	ctt	gga	gac	aat	gaa	gag	act	cag	gtg	aga	acg	1185	
Ile	Arg	Thr	Pro	Lys	Leu	Gly	Asp	Asn	Glu	Glu	Thr	Gln	Val	Arg	Thr		
	325				330					335					340		
gag	atg	tct	cag	aca	gca	caa	gta	agc	cat	gag	ggt	atg	gaa	gga	ggc	1233	
Glu	Met	Ser	Gln	Thr	Ala	Gln	Val	Ser	His	Glu	Gly	Met	Glu	Gly	Gly		
				345					350					355			
cag	cct	tgg	aca	gag	gct	gca	cag	gtg	gct	ctg	ggg	ctg	cct	gaa	ggg	1281	
Gln	Pro	Trp	Thr	Glu	Ala	Ala	Gln	Val	Ala	Leu	Gly	Leu	Pro	Glu	Gly		
			360					365					370				
aa	aca	cac	acg	ggc	aca	gcc	ctg	cta	ata	gcg	cat	ggg	aat	gag	aga	1329	
Leu	Thr	His	Thr	Gly	Thr	Ala	Leu	Leu	Ile	Ala	His	Gly	Asn	Glu	Arg		
		375					380					385					
tca	cct	gct	ttc	act	gat	caa	agt	tcc	ttt	acc	ccc	aca	agt	ctg	atg	1377	
Ser	Pro	Ala	Phe	Thr	Asp	Gln	Ser	Ser	Phe	Thr	Pro	Thr	Ser	Leu	Met		
	390					395					400						
gaa	gac	atg	aaa	gtt	tcc	att	gtg	aac	ttg	ctc	caa	agt	acg	gga	gac	1425	
Glu	Asp	Met	Lys	Val	Ser	Ile	Val	Asn	Leu	Leu	Gln	Ser	Thr	Gly	Asp		
	405				410					415					420		
ttc	acg	gaa	tcc	acc	aag	gaa	aac	gat	gcc	ctg	ttt	ttc	tta	gaa	acc	1473	
Phe	Thr	Glu	Ser	Thr	Lys	Glu	Asn	Asp	Ala	Leu	Phe	Phe	Leu	Glu	Thr		
				425					430					435			
act	gtt	tct	gtc	tct	gta	tat	gag	tct	gag	gca	gac	caa	ctg	ttg	gga	1521	
Thr	Val	Ser	Val	Ser	Val	Tyr	Glu	Ser	Glu	Ala	Asp	Gln	Leu	Leu	Gly		
				440				445					450				
aat	aca	atg	aaa	gac	atc	atc	act	caa	gag	atg	aca	aca	gct	gtt	caa	1569	
Asn	Thr	Met	Lys	Asp	Ile	Ile	Thr	Gln	Glu	Met	Thr	Thr	Ala	Val	Gln		
		455					460					465					
ag	cca	gat	gcc	act	tta	tcc	atg	gtg	aca	caa	gag	cag	gtt	gct	acc	1617	
Glu	Pro	Asp	Ala	Thr	Leu	Ser	Met	Val	Thr	Gln	Glu	Gln	Val	Ala	Thr		
	470					475					480						
ctc	gag	ctt	atc	aga	gac	agt	ggc	aag	act	gag	gaa	gaa	aag	gag	gac	1665	
Leu	Glu	Leu	Ile	Arg	Asp	Ser	Gly	Lys	Thr	Glu	Glu	Glu	Lys	Glu	Asp		
	485				490					495					500		
ccc	tct	cct	gtg	tct	gac	gtt	cct	ggt	gtt	act	cag	ctg	tca	aga	aga	1713	
Pro	Ser	Pro	Val	Ser	Asp	Val	Pro	Gly	Val	Thr	Gln	Leu	Ser	Arg	Arg		
				505					510					515			
tgg	gag	cct	ctg	gcc	act	aca	att	tca	act	aca	gtc	gtc	cct	ttg	tct	1761	
Trp	Glu	Pro	Leu	Ala	Thr	Thr	Ile	Ser	Thr	Thr	Val	Val	Pro	Leu	Ser		
			520					525					530				
ttt	gaa	gtt	act	ccc	act	gtg	gaa	gaa	caa	atg	gac	aca	gtc	aca	ggg	1809	
Phe	Glu	Val	Thr	Pro	Thr	Val	Glu	Glu	Gln	Met	Asp	Thr	Val	Thr	Gly		
		535					540					545					
cca	aat	gag	gag	ttc	aca	cca	gtt	ctg	gga	tct	cca	gtg	aca	cct	cct	1857	

05.10.04

XPs.ST25.txt

Pro	Asn	Glu	Glu	Phe	Thr	Pro	Val	Leu	Gly	Ser	Pro	Val	Thr	Pro	Pro	
550						555					560					
gga	ata	atg	gtg	ggg	gaa	ccc	agc	att	tcc	cct	gca	ctt	cct	gct	ttg	1905
Gly	Ile	Met	Val	Gly	Glu	Pro	Ser	Ile	Ser	Pro	Ala	Leu	Pro	Ala	Leu	
565					570					575					580	
gag	gca	tcc	tct	gag	aga	aga	act	gtt	gtt	cca	tct	att	act	cgt	gtt	1953
Glu	Ala	Ser	Ser	Glu	Arg	Arg	Thr	Val	Val	Pro	Ser	Ile	Thr	Arg	Val	
				585					590					595		
aat	aca	gct	gcc	tca	tat	ggc	ctg	gac	caa	ctt	gaa	tct	gaa	gag	gga	2001
Asn	Thr	Ala	Ala	Ser	Tyr	Gly	Leu	Asp	Gln	Leu	Glu	Ser	Glu	Glu	Gly	
			600					605					610			
caa	gaa	gat	gag	gat	gaa	gag	gat	gaa	gaa	gat	gaa	gat	gaa	gaa	gag	2049
Gln	Glu	Asp	Glu	Asp	Glu	Glu	Asp	Glu	Glu	Asp	Glu	Asp	Glu	Glu	Glu	
		615					620				625					
gaa	gat	gag	gaa	gaa	gat	gag	gaa	gat	aaa	gat	gca	gac	tcg	ctg	gat	2097
Glu	Asp	Glu	Glu	Glu	Asp	Glu	Glu	Asp	Lys	Asp	Ala	Asp	Ser	Leu	Asp	
	630					635					640					
ag	ggc	ttg	gat	ggc	gac	act	gag	ctg	cca	ggc	ttt	acc	ctc	cct	ggc	2145
Glu	Gly	Leu	Asp	Gly	Asp	Thr	Glu	Leu	Pro	Gly	Phe	Thr	Leu	Pro	Gly	
645					650					655					660	
atc	aca	tcc	cag	gaa	cca	ggc	tta	gag	gag	gga	aac	atg	gac	ctg	ttg	2193
Ile	Thr	Ser	Gln	Glu	Pro	Gly	Leu	Glu	Glu	Gly	Asn	Met	Asp	Leu	Leu	
				665					670					675		
gag	gga	gct	acc	tac	cag	gtg	cca	gat	gcc	ctc	gag	tgg	gaa	cag	cag	2241
Glu	Gly	Ala	Thr	Tyr	Gln	Val	Pro	Asp	Ala	Leu	Glu	Trp	Glu	Gln	Gln	
			680					685					690			
aat	caa	ggc	ctg	gtg	aga	agc	tgg	atg	gaa	aaa	tta	aaa	gac	aag	gct	2289
Asn	Gln	Gly	Leu	Val	Arg	Ser	Trp	Met	Glu	Lys	Leu	Lys	Asp	Lys	Ala	
		695					700					705				
ggc	tac	atg	tct	ggg	atg	ctg	gtg	cct	gta	ggg	gtt	ggg	ata	gct	gga	2337
Gly	Tyr	Met	Ser	Gly	Met	Leu	Val	Pro	Val	Gly	Val	Gly	Ile	Ala	Gly	
	710					715					720					
gcc	ttg	ttc	atc	ttg	gga	gcc	ctc	tac	agc	att	aag	gtt	atg	aat	cgc	2385
Ala	Leu	Phe	Ile	Leu	Gly	Ala	Leu	Tyr	Ser	Ile	Lys	Val	Met	Asn	Arg	
725					730					735					740	
ga	agg	aga	aat	ggc	ttc	aaa	agg	cat	aaa	aga	aag	cag	aga	gaa	ttc	2433
Arg	Arg	Arg	Asn	Gly	Phe	Lys	Arg	His	Lys	Arg	Lys	Gln	Arg	Glu	Phe	
				745					750					755		
aac	agc	atg	caa	gat	cga	gta	atg	ctc	tta	gcc	gac	agc	tct	gaa	gat	2481
Asn	Ser	Met	Gln	Asp	Arg	Val	Met	Leu	Leu	Ala	Asp	Ser	Ser	Glu	Asp	
			760					765					770			
gaa	ttt	tga	attggactgg	gttttaattg	ggatatttcaa	cgatgctact										2530
Glu	Phe															
attctaattt	ttattttt	gga	gcagaaaaaa	aaaaagaaca	acctgccaca	ttgctgctat										2590
caggccggtta	gtcctagtgt	ctgctgggtg	ctgggtagta	gatttttctt	gtactgagca											2650
gaaatggcat	gttgatact	aaacgtatca	tgcagtattt	ggttttattc	tgtagtgaat											2710
tttccacaac	cgtgggctac	aactcataaa	tatgcaacat	atatgttttt	cagtaggagt											2770
tgctacatta	ggcagagtaa	atattttt	gtgta	gttttccaca	gtgtcttttc	cttggtttga										2830

05.10.04

XP_S.ST25.txt

attacctgca ttgagaataa tgattgttgc caccaaggca tgcttgactc tgagatataa 2890
atcttaacaa agaataactt ctcaagatat actctaccta cttgaaacca cagggttgtg 2950
ggccatggta cataactgcat ttgcatcaaa ctagcagtaa ctcagaatga aatcattttc 3010
attaagaagc tctctcagca tattaggatt atatgtagat ttgtatgtat tttgcattat 3070
gtacttcagt ctcctagttt tattattctc accttccggt ttattcttgg cgaggaaaaa 3130
aatgca 3136

<210> 274
<211> 774
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 274

Met Arg Gly Pro Ile Val Leu His Ile Cys Leu Ala Phe Cys Ser Leu
1 5 10 15

Leu Leu Phe Ser Val Ala Thr Gln Cys Leu Ala Phe Pro Lys Ile Glu
20 25 30

Arg Arg Arg Glu Ile Ala His Val His Ala Glu Lys Gly Gln Ser Asp
35 40 45

Lys Met Asn Thr Asp Asp Leu Glu Asn Ser Ser Val Thr Ser Lys Gln
50 55 60

Thr Pro Gln Leu Val Val Ser Glu Asp Pro Met Met Met Ser Ala Val
65 70 75 80

Pro Ser Ala Thr Ser Leu Asn Lys Ala Phe Ser Ile Asn Lys Glu Thr
85 90 95

Gln Pro Gly Gln Ala Gly Leu Met Gln Thr Glu Arg Pro Gly Val Ser
100 105 110

Thr Pro Thr Glu Ser Gly Val Pro Ser Ala Glu Glu Val Phe Gly Ser
115 120 125

Ser Gln Pro Glu Arg Ile Ser Pro Glu Ser Gly Leu Ala Lys Ala Met
130 135 140

Leu Thr Ile Ala Ile Thr Ala Thr Pro Ser Leu Thr Val Asp Glu Lys
145 150 155 160

Glu Glu Leu Leu Thr Ser Thr Asn Phe Gln Pro Ile Val Glu Glu Ile
165 170 175

Thr Glu Thr Thr Lys Gly Phe Leu Lys Tyr Met Asp Asn Gln Ser Phe
180 185 190

05.10.04

XPs.ST25.txt

Ala Thr Glu Ser Gln Glu Gly Val Gly Leu Gly His Ser Pro Ser Ser
195 200 205

Tyr Val Asn Thr Lys Glu Met Leu Thr Thr Asn Pro Lys Thr Glu Lys
210 215 220

Phe Glu Ala Asp Thr Asp His Arg Thr Thr Ser Phe Pro Gly Ala Glu
225 230 235 240

Ser Thr Ala Gly Ser Glu Pro Gly Ser Leu Thr Pro Asp Lys Glu Lys
245 250 255

Pro Ser Gln Met Thr Ala Asp Asn Thr Gln Ala Ala Ala Thr Lys Gln
260 265 270

Pro Leu Glu Thr Ser Glu Tyr Thr Leu Ser Val Glu Pro Glu Thr Asp
275 280 285

Ser Leu Leu Gly Ala Pro Glu Val Thr Val Ser Val Ser Thr Ala Val
290 295 300

Pro Ala Ala Ser Ala Leu Ser Asp Glu Trp Asp Asp Thr Lys Leu Glu
305 310 315 320

Ser Val Ser Arg Ile Arg Thr Pro Lys Leu Gly Asp Asn Glu Glu Thr
325 330 335

Gln Val Arg Thr Glu Met Ser Gln Thr Ala Gln Val Ser His Glu Gly
340 345 350

Met Glu Gly Gly Gln Pro Trp Thr Glu Ala Ala Gln Val Ala Leu Gly
355 360 365

Leu Pro Glu Gly Glu Thr His Thr Gly Thr Ala Leu Leu Ile Ala His
370 375 380

Gly Asn Glu Arg Ser Pro Ala Phe Thr Asp Gln Ser Ser Phe Thr Pro
385 390 395 400

Thr Ser Leu Met Glu Asp Met Lys Val Ser Ile Val Asn Leu Leu Gln
405 410 415

Ser Thr Gly Asp Phe Thr Glu Ser Thr Lys Glu Asn Asp Ala Leu Phe
420 425 430

Phe Leu Glu Thr Thr Val Ser Val Ser Val Tyr Glu Ser Glu Ala Asp
435 440 445

Gln Leu Leu Gly Asn Thr Met Lys Asp Ile Ile Thr Gln Glu Met Thr
450 455 460

05.10.04

XPs.ST25.txt

Thr Ala Val Gln Glu Pro Asp Ala Thr Leu Ser Met Val Thr Gln Glu
465 470 475 480

Gln Val Ala Thr Leu Glu Leu Ile Arg Asp Ser Gly Lys Thr Glu Glu
485 490 495

Glu Lys Glu Asp Pro Ser Pro Val Ser Asp Val Pro Gly Val Thr Gln
500 505 510

Leu Ser Arg Arg Trp Glu Pro Leu Ala Thr Thr Ile Ser Thr Thr Val
515 520 525

Val Pro Leu Ser Phe Glu Val Thr Pro Thr Val Glu Glu Gln Met Asp
530 535 540

Thr Val Thr Gly Pro Asn Glu Glu Phe Thr Pro Val Leu Gly Ser Pro
545 550 555 560

Val Thr Pro Pro Gly Ile Met Val Gly Glu Pro Ser Ile Ser Pro Ala
565 570 575

Leu Pro Ala Leu Glu Ala Ser Ser Glu Arg Arg Thr Val Val Pro Ser
580 585 590

Ile Thr Arg Val Asn Thr Ala Ala Ser Tyr Gly Leu Asp Gln Leu Glu
595 600 605

Ser Glu Glu Gly Gln Glu Asp Glu Asp Glu Glu Asp Glu Glu Asp Glu
610 615 620

Asp Glu Glu Glu Glu Asp Glu Glu Glu Asp Glu Glu Asp Lys Asp Ala
625 630 635 640

Asp Ser Leu Asp Glu Gly Leu Asp Gly Asp Thr Glu Leu Pro Gly Phe
645 650 655

Thr Leu Pro Gly Ile Thr Ser Gln Glu Pro Gly Leu Glu Glu Gly Asn
660 665 670

Met Asp Leu Leu Glu Gly Ala Thr Tyr Gln Val Pro Asp Ala Leu Glu
675 680 685

Trp Glu Gln Gln Asn Gln Gly Leu Val Arg Ser Trp Met Glu Lys Leu
690 695 700

Lys Asp Lys Ala Gly Tyr Met Ser Gly Met Leu Val Pro Val Gly Val
705 710 715 720

Gly Ile Ala Gly Ala Leu Phe Ile Leu Gly Ala Leu Tyr Ser Ile Lys
725 730 735

05.10.04

XP.S.T25.txt

Val Met Asn Arg Arg Arg Arg Asn Gly Phe Lys Arg His Lys Arg Lys
740 745 750

Gln Arg Glu Phe Asn Ser Met Gln Asp Arg Val Met Leu Leu Ala Asp
755 760 765

Ser Ser Glu Asp Glu Phe
770

<210> 275
<211> 768
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (230)..(709)
<223>

400> 275
ggaatttcg catatctcct tcgcagtgca gctccttcaa tctcaccatg gcctctgcc 60
gaatgcagat cctgggagtc gtcctgacac tgctgggctg ggtgaatggc ctggtctcct 120
gcgtcctgcc catgtggaaa gtgaccactt tcatcgga cagcatcgtg gtggccaggt 180
gggtgtgggag ggcctgtgga tgtcctgagt ggtgcagagc actagccag atg cag tgc 238
Met Gln Cys
1

aag gtg tac gac tca ctg ctg gcg ctg cca cag gac ctg cag gct gca 286
Lys Val Tyr Asp Ser Leu Leu Ala Leu Pro Gln Asp Leu Gln Ala Ala
5 10 15

cgt gcc gtc tgt gtc atc acc ctc ctt gtg gcc ctg ttc ggc ttg ctg 334
Arg Ala Val Cys Val Ile Thr Leu Leu Val Ala Leu Phe Gly Leu Leu
20 25 30 35

gtc tac ctt gct ggg gcc aag tgt acc acc tgt gtg gag gag aag gat 382
Val Tyr Leu Ala Gly Ala Lys Cys Thr Thr Cys Val Glu Glu Lys Asp
40 45 50

c aag gcc cgc ctg gtg ctc acc tct ggg att gtc ttt gtc acc tca 430
er Lys Ala Arg Leu Val Leu Thr Ser Gly Ile Val Phe Val Thr Ser
55 60 65

ggg gtc ctg aca cta atc ccc gtt tgc tgg acg gcg cat gcc atc atc 478
Gly Val Leu Thr Leu Ile Pro Val Cys Trp Thr Ala His Ala Ile Ile
70 75 80

tgg gac ttc tat aac ccc ctg gtg gct gag gcc caa aag tgg gag ctg 526
Trp Asp Phe Tyr Asn Pro Leu Val Ala Glu Ala Gln Lys Trp Glu Leu
85 90 95

ggg gcc tcc ctc tac ttg ggc tgg gcg gcc tca ggc ctt ttg ttg ctg 574
Gly Ala Ser Leu Tyr Leu Gly Trp Ala Ala Ser Gly Leu Leu Leu Leu
100 105 110 115

ggg ggc agg ctg ctg tgc tgc act tgc ccc tcc ggg ggg tca cgg ggc 622
Gly Gly Arg Leu Leu Cys Cys Thr Cys Pro Ser Gly Gly Ser Arg Gly
120 125 130

ccc agc cat tac atg gcc cgc tac tgg aca tct gcc cct gcc atc tct 670
Pro Ser His Tyr Met Ala Arg Tyr Trp Thr Ser Ala Pro Ala Ile Ser
Seite 412

05.10.04

XPs.ST25.txt
140

145

135
cgg ggg acc tct gag tac cct acc aag aat tac gtc tga catggaagtg
Arg Gly Thr Ser Glu Tyr Pro Thr Lys Asn Tyr Val
150 155

719

aatgggggct ccgctggcac tagagccatc cagaagtggc agtgcccaa

768

<210> 276
<211> 159
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 276

Met Gln Cys Lys Val Tyr Asp Ser Leu Leu Ala Leu Pro Gln Asp Leu
1 5 10 15

Gln Ala Ala Arg Ala Val Cys Val Ile Thr Leu Leu Val Ala Leu Phe
20 25 30

Leu Leu Val Tyr Leu Ala Gly Ala Lys Cys Thr Thr Cys Val Glu
35 40 45

Glu Lys Asp Ser Lys Ala Arg Leu Val Leu Thr Ser Gly Ile Val Phe
50 55 60

Val Thr Ser Gly Val Leu Thr Leu Ile Pro Val Cys Trp Thr Ala His
65 70 75 80

Ala Ile Ile Trp Asp Phe Tyr Asn Pro Leu Val Ala Glu Ala Gln Lys
85 90 95

Trp Glu Leu Gly Ala Ser Leu Tyr Leu Gly Trp Ala Ala Ser Gly Leu
100 105 110

Leu Leu Leu Gly Gly Arg Leu Leu Cys Cys Thr Cys Pro Ser Gly Gly
115 120 125

Ser Arg Gly Pro Ser His Tyr Met Ala Arg Tyr Trp Thr Ser Ala Pro
130 135 140

Ala Ile Ser Arg Gly Thr Ser Glu Tyr Pro Thr Lys Asn Tyr Val
145 150 155

<210> 277
<211> 447
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(447)
<223>

<400> 277
atg tca gga cag gcc aag aca gac aac cag gca tgc tac cag aag gca
Seite 413

48

05.10.04

XPs.ST25.txt

```

Met Ser Gly Gln Ala Lys Thr Asp Asn Gln Ala Cys Tyr Gln Lys Ala
1          5          10          15
agc ccg cct gga ggg ccc aca gaa atg acg ggt gcc ctg aag gaa gcc      96
Ser Pro Pro Gly Gly Pro Thr Glu Met Thr Gly Ala Leu Lys Glu Ala
20          25          30
gcc ggc agc tat ggt gga gcc tca ggg aga ggg ccc agg cag tcg gac      144
Ala Gly Ser Tyr Gly Gly Ala Ser Gly Arg Gly Pro Arg Gln Ser Asp
35          40          45
ctg ctg gac ccg ggg cga acc cca gag aag gag cct tat att tgg gtg      192
Leu Leu Asp Pro Gly Arg Thr Pro Glu Lys Glu Pro Tyr Ile Trp Val
50          55          60
ctg ggt ctg gat cct gta gcc acc acc cag gtt gca aac cca ttg ctg      240
Leu Gly Leu Asp Pro Val Ala Thr Thr Gln Val Ala Asn Pro Leu Leu
65          70          75
caa gga tgg gtg atg tat gtc tca ctc acc cca ttt ctc atc tcc ctc      288
Gln Gly Trp Val Met Tyr Val Ser Leu Thr Pro Phe Leu Ile Ser Leu
85          90          95
agc ttc ctg ttg tct tcc ttg ttt gga ttt tgc aaa aga aat gat tcc      336
Ser Phe Leu Leu Ser Ser Leu Phe Gly Phe Cys Lys Arg Asn Asp Ser
100          105          110
tgg aga gtt cca ctc ttc acc acc ttc aac acc atc acc ttc atc acc      384
Trp Arg Val Pro Leu Phe Thr Thr Phe Asn Thr Ile Thr Phe Ile Thr
115          120          125
acg ctg ctc tac att ctc cag cct tca gca tct att acc act gat gca      432
Thr Leu Leu Tyr Ile Leu Gln Pro Ser Ala Ser Ile Thr Thr Asp Ala
130          135          140
cag gcg cca ggc tga
Gln Ala Pro Gly
145

```

<210> 278
 <211> 148
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 278

```

Met Ser Gly Gln Ala Lys Thr Asp Asn Gln Ala Cys Tyr Gln Lys Ala
1          5          10          15
Ser Pro Pro Gly Gly Pro Thr Glu Met Thr Gly Ala Leu Lys Glu Ala
20          25          30
Ala Gly Ser Tyr Gly Gly Ala Ser Gly Arg Gly Pro Arg Gln Ser Asp
35          40          45
Leu Leu Asp Pro Gly Arg Thr Pro Glu Lys Glu Pro Tyr Ile Trp Val
50          55          60
Leu Gly Leu Asp Pro Val Ala Thr Thr Gln Val Ala Asn Pro Leu Leu
65          70          75
Gln Gly Trp Val Met Tyr Val Ser Leu Thr Pro Phe Leu Ile Ser Leu

```

05.10.04

XPS.ST25.txt
90

85

95

Ser Phe Leu Leu Ser Ser Leu Phe Gly Phe Cys Lys Arg Asn Asp Ser
100 105 110

Trp Arg Val Pro Leu Phe Thr Thr Phe Asn Thr Ile Thr Phe Ile Thr
115 120 125

Thr Leu Leu Tyr Ile Leu Gln Pro Ser Ala Ser Ile Thr Thr Asp Ala
130 135 140

Gln Ala Pro Gly
145

<210> 279
<211> 1399
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (576)..(929)
<223>

<400> 279
cgcgggcctc cctgccggcc aacctgcatg ctactcagta cagttggggc attgtgctca 60
gacaagaaag gggcacttgt gatccagaca atgggctggg tcgctcccat ttggcctggg 120
cttcagcttc cctgggtcag caatatcctt tctctgctc ctgcccactc tgcttcacc 180
cctccctgga gaatggtggc taagaacacg gagcagagac tcaccgcggg cccatgccc 240
gtttggcacg tgcctcggcc gtgaggagga ggaggatgc aagcttcgct cctctaccct 300
ggatatagacc aagagaaatg gcggcatctg cacacacaaa aacttgtaca ggaatgttca 360
cagcagcaat aacagccaaa aagtgggaac aatcttaatg tctaccaact gacgaacagg 420
tatagaccaa gaggtatgga ggccaaggcg agcagattac ttgaggtcag gagttcgaga 480
agcctggc cagcgggtcc agtgaggccc atgtgaggca gtcactcagg gcagtagccc 540
ctcactggc ctccccactt ccactcacac ccact atg gcc cac tcc cca cac 593
Met Ala His Ser Pro His
1 5
ctc aca ttc ctg ccc agg gtc ccc cag cgg tcc cat ctt gct gag aac 641
Leu Thr Phe Leu Pro Arg Val Pro Gln Arg Ser His Leu Ala Glu Asn
10 15 20
ctg ccg gca ctc ctc ttt gcc tgc acg ggc tca ctc agc cac aca ggt 689
Leu Pro Ala Leu Leu Phe Ala Cys Thr Gly Ser Leu Ser His Thr Gly
25 30 35
gtc ctc gcg gct gct cca cct cac agg gct ggc ccc tgc ctc agg act 737
Val Leu Ala Ala Ala Pro His Arg Ala Gly Pro Cys Leu Arg Thr
40 45 50
gca ata ccc ggc tgt ttc ttc tgc ctg gaa tgc tca cac ccc aaa cct 785
Ala Ile Pro Gly Cys Phe Phe Cys Leu Glu Cys Ser His Pro Lys Pro
55 60 65 70

05.10.04

XPs.ST25.txt

```

tgg cat ggc tct ccg ctt cac ata ttt tac att tct gca cca gca tca      833
Trp His Gly Ser Pro Leu His Ile Phe Tyr Ile Ser Ala Pro Ala Ser
              75              80              85

cct ccc cag aga cca cgg tgt cta aaa gcg ctc ccc cca cca tca ttc      881
Pro Pro Gln Arg Pro Arg Cys Leu Lys Ala Leu Pro Pro Pro Ser Phe
              90              95              100

tct gcc atc ttc gta gct tgc ttt agt ttt ctt ttt ttt ttg aga tga      929
Ser Ala Ile Phe Val Ala Cys Phe Ser Phe Leu Phe Phe Leu Arg
              105              110              115

agtttcactc ttgttgccca ggctggagtg caatgcgcga tctcaactca ccgcaacctc      989

ctcctcttgg gttcaagcga ttctcctgcc tcagtctgcc gagtagctgg gattacaggc      1049

atgcgccacc atgccagct aattttgtat ttttagtaga gatgggggtt ctccatgttg      1109

gtcaggctgg tcttcgaact cccaacctca ggtgatccgc ctgcctcagc ctcccaaagt      1169

gctgggatta cagcgtgagc caccgcaccc agccgcttgc tttagttttc tttgtcacac      1229

ttaacattac ctggaattcc ttctggctta tgggtttgtt tgggtgtgtc tcccactaga      1289

gtaagggc aggactggct ccagtgggcc tcattatctc cagggctctgg cataaatggg      1349

cactcagcta tttgctgaat caataaacgt gtgtgtcatt gacagctatc      1399

```

<210> 280
 <211> 117
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 280

Met Ala His Ser Pro His Leu Thr Phe Leu Pro Arg Val Pro Gln Arg
 1 5 10 15

Ser His Leu Ala Glu Asn Leu Pro Ala Leu Leu Phe Ala Cys Thr Gly
 20 25 30

Ser Leu Ser His Thr Gly Val Leu Ala Ala Ala Pro Pro His Arg Ala
 35 40 45

Gly Pro Cys Leu Arg Thr Ala Ile Pro Gly Cys Phe Phe Cys Leu Glu
 50 55 60

Cys Ser His Pro Lys Pro Trp His Gly Ser Pro Leu His Ile Phe Tyr
 65 70 75 80

Ile Ser Ala Pro Ala Ser Pro Pro Gln Arg Pro Arg Cys Leu Lys Ala
 85 90 95

Leu Pro Pro Pro Ser Phe Ser Ala Ile Phe Val Ala Cys Phe Ser Phe
 100 105 110

Leu Phe Phe Leu Arg
 115

05.10.04

XPs.ST25.txt

<210> 281
 <211> 1944
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (140)..(619)
 <223>

<400> 281
 acccttccttg agacagccct ccagtccagg ccaaattctca gcctgccctt ggtccgctgt 60
 ggttgggcct gcaccaagc catgagcaca cgcagcaatt gtggcagcag aagcttcctc 120
 tgggctcaga ctcaggctg atg ctg cgt cag gac ctg ccg cgg tct cgg ctg 172
 Met Leu Arg Gln Asp Leu Pro Arg Ser Arg Leu
 1 5 10
 ggc ttc ctg gga ctc ggt ggt tgt ggg ctg att gta aag cac gga atg 220
 Gly Phe Leu Gly Leu Gly Gly Cys Gly Leu Ile Val Lys His Gly Met
 15 20 25
 ct ctt aga aac tgg gcg tca ttc ttt gtg gtt ttc caa gct tgg tct 268
 Tr Leu Arg Asn Trp Ala Ser Phe Phe Val Val Phe Gln Ala Trp Ser
 30 35 40
 ctg atg ata ctc cag gtc tta gga gac atg ctg aat att tat tat gct 316
 Leu Met Ile Leu Gln Val Leu Gly Asp Met Leu Asn Ile Tyr Tyr Ala
 45 50 55
 tac att caa gca aca tta acc ctt aag gtt gat gta gct ccc cgt ctt 364
 Tyr Ile Gln Ala Thr Leu Thr Leu Lys Val Asp Val Ala Pro Arg Leu
 60 65 70 75
 ttt ttc cca gaa gga gga gca ctg aag gaa cac ttt tcc agt atg gat 412
 Phe Phe Pro Glu Gly Gly Ala Leu Lys Glu His Phe Ser Ser Met Asp
 80 85 90
 tct ttc cag ctc cga gaa gct gga ggc aca cgg atc cct cgg cca gct 460
 Ser Phe Gln Leu Arg Glu Ala Gly Gly Thr Arg Ile Pro Arg Pro Ala
 95 100 105
 ctc atc tat gga cgt gct gta gtc aca agg act gtg act aag gct cag 508
 Leu Ile Tyr Gly Arg Ala Val Val Thr Arg Thr Val Thr Lys Ala Gln
 110 115 120
 c ctg agg act gcc ttg gca tgg gct gct tta ggc tgt aaa cac cca 556
 Ser Leu Arg Thr Ala Leu Ala Trp Ala Ala Leu Gly Cys Lys His Pro
 125 130 135
 gtt tta tcc act tta tgt gaa gaa agc caa caa ggg gca tgg agt gag 604
 Val Leu Ser Thr Leu Cys Glu Glu Ser Gln Gln Gly Ala Trp Ser Glu
 140 145 150 155
 ttc cgc agg ttt tag cggctgcggc ggctggtgct cagtggggat gatggcggga 659
 Phe Arg Arg Phe
 aggcgcctcc ctctgtgggc cccgaggtct gtgcgggaat cagctctgca gctgtgtcca 719
 ggggcagccg tagaccacac acggcaggct cacagctctg ttccatgaga actttataca 779
 caaaagcaga cgggctgggc ttggcctctg gatcataatc tgctgacccc tggggcaacg 839
 tcggctgcag ctgagatggc tgctccccgg tgggggtgtgt gctcggcctg cagtccccgc 899
 cctccggact ccattcgcct ccactctcag gtttgacact cgtcattgtc ttctaatttt 959

05.10.04

XP5.ST25.txt

gcacccctgg actgcgtgac ctacaaggct ctcagcacia caagactcta tgattctgtc 1019
tattggaaca aaaagccagt gaggcaagtg tatcatcctg ttgatgaatt cacagcatta 1079
actctgggag ttggggacag tgtgtattct tcttcagac actctctgtt tctcctggat 1139
ggaaagggttc tgctacttgt cccgtgggtca ggcccagcca atggaacgga atggaagtga 1199
ctctgccccct tattggcaga aacttttaaaa gccgcacaaac gttcctgcac cctccccctc 1259
gccatgagcc tggcagtgtc caggatggga aaattatctc acctgggcct gaggatacag 1319
gagctacccc cagcctgcag tggaagagaa gcatggacaa gtgattaaac tttgtgtttt 1379
caagccacag aggttttttg aagttgtttg ctaccatgct ttgtccctac aaacacagtc 1439
atggagaagg ccagtggcag agcctgagcc gttcgcgcat ctgttcacca gtatccagaa 1499
taacaataga tttttgaaac attcctgaga aaattctggg agttgcatac cggccagtct 1559
tattctctaa agttgttcct tctaaagggt gtgatgaccg aaaatttcag aaaagcaaac 1619
accgctgaa aggcaacgtt atttctgttg gcagaaggcg gcctgagcaa tctagatttt 1679
cacggttca ccaactagtt ttttaaggaaa tatggctgtg agaggaataa aacatgattc 1739
ctacctttaa ggaactcaga gaagtgaatt aaaggaagtc acagatcaga caaccaacca 1799
caciaagttt ctaagagcaa actgttcagg tcggcaagtc actcttatcc actgttttgc 1859
cttctaaggt ttcagttact ctcagtcagt catgggtcaa aaacattaaa tgaaaaattc 1919
cagaaataaa caatacacac gtgtt 1944

<210> 282
<211> 159
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 282

Met Leu Arg Gln Asp Leu Pro Arg Ser Arg Leu Gly Phe Leu Gly Leu
1 5 10 15

Gly Gly Cys Gly Leu Ile Val Lys His Gly Met Thr Leu Arg Asn Trp
20 25 30

Ala Ser Phe Phe Val Val Phe Gln Ala Trp Ser Leu Met Ile Leu Gln
35 40 45

Val Leu Gly Asp Met Leu Asn Ile Tyr Tyr Ala Tyr Ile Gln Ala Thr
50 55 60

Leu Thr Leu Lys Val Asp Val Ala Pro Arg Leu Phe Phe Pro Glu Gly
65 70 75 80

Gly Ala Leu Lys Glu His Phe Ser Ser Met Asp Ser Phe Gln Leu Arg
85 90 95

Glu Ala Gly Gly Thr Arg Ile Pro Arg Pro Ala Leu Ile Tyr Gly Arg
Seite 418

06.10.04

XPS.ST25.txt

100

105

110

Ala Val Val Thr Arg Thr Val Thr Lys Ala Gln Ser Leu Arg Thr Ala
115 120 125

Leu Ala Trp Ala Ala Leu Gly Cys Lys His Pro Val Leu Ser Thr Leu
130 135 140

Cys Glu Glu Ser Gln Gln Gly Ala Trp Ser Glu Phe Arg Arg Phe
145 150 155

<210> 283
<211> 1291
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (4)..(777)
<223>

<400> 283
atc atg tat tcc att gcc act gga ggc ttg gtt ttg atg gca gtg ttt 48
Met Tyr Ser Ile Ala Thr Gly Gly Leu Val Leu Met Ala Val Phe
1 5 10
tat aca cag aaa gac agc tgc atg gaa aac aaa att ctg ctg gga gta 96
Tyr Thr Gln Lys Asp Ser Cys Met Glu Asn Lys Ile Leu Leu Gly Val
20 25 30
aat gga ggc ctg tgc ctg ctt ata tca ttg gta gcc atc tca ccc tgg 144
Asn Gly Gly Leu Cys Leu Leu Ile Ser Leu Val Ala Ile Ser Pro Trp
35 40 45
gtc caa aat cga cag cca cac tcg ggg ctc tta caa tca ggg gtc ata 192
Val Gln Asn Arg Gln Pro His Ser Gly Leu Leu Gln Ser Gly Val Ile
50 55 60
agc tgc tat gtc acc tac ctc acc ttc tca gct ctg tcc agc aaa cct 240
Ser Cys Tyr Val Thr Tyr Leu Thr Phe Ser Ala Leu Ser Ser Lys Pro
65 70 75
a gaa gta gtt cta gat gaa cat ggg aaa aat gtt aca atc tgt gtg 288
a Glu Val Val Leu Asp Glu His Gly Lys Asn Val Thr Ile Cys Val
80 85 90
cct gac ttt ggt caa gac ctg tac aga gat gaa aac ttg gtg act ata 336
Pro Asp Phe Gly Gln Asp Leu Tyr Arg Asp Glu Asn Leu Val Thr Ile
100 105 110
ctg ggg acc agc ctc tta atc gga tgt atc ttg tat tca tgt ttg aca 384
Leu Gly Thr Ser Leu Leu Ile Gly Cys Ile Leu Tyr Ser Cys Leu Thr
115 120 125
tca aca aca aga tcg agt tct gac gct ctg cag ggg cga tac gca gct 432
Ser Thr Thr Arg Ser Ser Ser Asp Ala Leu Gln Gly Arg Tyr Ala Ala
130 135 140
cct gaa ttg gag ata gct cgc tgt tgt ttt tgc ttc agt cct ggt gga 480
Pro Glu Leu Glu Ile Ala Arg Cys Cys Phe Cys Phe Ser Pro Gly Gly
145 150 155
gag gac act gaa gag cag cag ccg ggg aag gag gga cca cgg gtc att 528
Glu Asp Thr Glu Glu Gln Gln Pro Gly Lys Glu Gly Pro Arg Val Ile

08.10.04

XPs.ST25.txt
170

160	165	175	
tat gac gag aag aaa ggc acc gtc tac atc tac tcc tac ttc cac ttc			576
Tyr Asp Glu Lys Lys Gly Thr Val Tyr Ile Tyr Ser Tyr Phe His Phe	180	185 190	
gtg ttc ttc cta gct tcc ctg tat gtg atg atg acc gtc acc aac tgg			624
Val Phe Phe Leu Ala Ser Leu Tyr Val Met Met Thr Val Thr Asn Trp	195 200	205	
ttc aac tac gaa agt gcc aac atc gag agc ttc ttc agc ggg agc tgg			672
Phe Asn Tyr Glu Ser Ala Asn Ile Glu Ser Phe Phe Ser Gly Ser Trp	210 215	220	
tcc atc ttc tgg gtc aag atg gcc tcc tgc tgg ata tgc gtg ctg ttg			720
Ser Ile Phe Trp Val Lys Met Ala Ser Cys Trp Ile Cys Val Leu Leu	225 230	235	
tac ctg tgt acg ctg gtc gct ccc ctg tgc tgc ccc acc cgg gag ttc			768
Tyr Leu Cys Thr Leu Val Ala Pro Leu Cys Cys Pro Thr Arg Glu Phe	240 245	250 255	
tct gtg tga tgatattcggc ggtcccctgg gctttgtggg cctacagcct			817
er Val			
ggaaagtgcc atcttttgaa cagtgtcccc ggggcaggga ctggcgcctt gtgcctgagt			877
gggtctgaaa aagctttgag agagaaaaaa aaaaatctcc tgattagctt tttacttttg			937
aaattcaaaa agaaactacc agtttgtccc aaaggaattg aaattttcaa ccaaactgat			997
catggttgaa atatcttacc cctaggaact ggataccagt tatgttgact tccttctgca			1057
tgtttttgcc aaaacagaat ttggggcaca gcatcttttc acagggataa aaatatcttg			1117
tggggccagt cattctcatc ctcggaatag aaaaacatgc caaaatcttg agtccccagc			1177
gcctaacaga atccagaccc ctctactca cttccgcctc ttagagcctt gtccccaggg			1237
ggctttgagg acaggactca gcctgcaggg cccctggtat ttatagggtc caag			1291

<210> 284
<211> 257
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 284

Met Tyr Ser Ile Ala Thr Gly Gly Leu Val Leu Met Ala Val Phe Tyr	1	5	10	15
Thr Gln Lys Asp Ser Cys Met Glu Asn Lys Ile Leu Leu Gly Val Asn	20	25	30	
Gly Gly Leu Cys Leu Leu Ile Ser Leu Val Ala Ile Ser Pro Trp Val	35	40	45	
Gln Asn Arg Gln Pro His Ser Gly Leu Leu Gln Ser Gly Val Ile Ser	50	55	60	
Cys Tyr Val Thr Tyr Leu Thr Phe Ser Ala Leu Ser Ser Lys Pro Ala	65	70	75	80

05.10.04

XP.S.T25.txt

Glu Val Val Leu Asp Glu His Gly Lys Asn Val Thr Ile Cys Val Pro
85 90 95

Asp Phe Gly Gln Asp Leu Tyr Arg Asp Glu Asn Leu Val Thr Ile Leu
100 105 110

Gly Thr Ser Leu Leu Ile Gly Cys Ile Leu Tyr Ser Cys Leu Thr Ser
115 120 125

Thr Thr Arg Ser Ser Ser Asp Ala Leu Gln Gly Arg Tyr Ala Ala Pro
130 135 140

Glu Leu Glu Ile Ala Arg Cys Cys Phe Cys Phe Ser Pro Gly Gly Glu
145 150 155 160

Asp Thr Glu Glu Gln Gln Pro Gly Lys Glu Gly Pro Arg Val Ile Tyr
165 170 175

Asp Glu Lys Lys Gly Thr Val Tyr Ile Tyr Ser Tyr Phe His Phe Val
180 185 190

Phe Phe Leu Ala Ser Leu Tyr Val Met Met Thr Val Thr Asn Trp Phe
195 200 205

Asn Tyr Glu Ser Ala Asn Ile Glu Ser Phe Phe Ser Gly Ser Trp Ser
210 215 220

Ile Phe Trp Val Lys Met Ala Ser Cys Trp Ile Cys Val Leu Leu Tyr
225 230 235 240

Leu Cys Thr Leu Val Ala Pro Leu Cys Cys Pro Thr Arg Glu Phe Ser
245 250 255

<210> 285
<211> 478
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (146)..(478)
<223>

<400> 285
tggcggcgcc gaggggtcga cgctcagggc taatctctat gagtcaccct cgaggccccg 60
ggtaataagg cccaacagag aattcaggaa agatgccagg tataagctga aggtgagctc 120
agcaaataagg ttaattgatg gagtc atg tac cag acc gta ata tct tcc tat 172
Met Tyr Gln Thr Val Ile Ser Ser Tyr
1 5

05.10.04

XPs.ST25.txt

cag ggt tac agt gca gct ctg aca atg cct gga aca ggc ttt cca act 220
Gln Gly Tyr Ser Ala Ala Leu Thr Met Pro Gly Thr Gly Phe Pro Thr 25
10 15 20

gca ttt aga gtt gcc ttt tta gag tta gcc aag aag tcc att gga aga 268
Ala Phe Arg Val Ala Phe Leu Glu Leu Ala Lys Lys Ser Ile Gly Arg 40
30 35

gtg ggg gcc gag gga agc aaa atc ctg act gtt tca agt caa aag ggg 316
Val Gly Ala Glu Gly Ser Lys Ile Leu Thr Val Ser Ser Gln Lys Gly 55
45 50

tgg ctt act cct ttg tca gca gac agt cca aca att gat ggg cac caa 364
Trp Leu Thr Pro Leu Ser Ala Asp Ser Pro Thr Ile Asp Gly His Gln 70
60 65

gct gat gtc tgg ctg agt gac att agc aga agc tgt tgt atc cag aca 412
Ala Asp Val Trp Leu Ser Asp Ile Ser Arg Ser Cys Cys Ile Gln Thr 85
75 80

gtc agc att tca aca gct cag agt gat gag ctt gga cac agg aaa gag 460
Val Ser Ile Ser Thr Ala Gln Ser Asp Glu Leu Gly His Arg Lys Glu 105
90 95 100

cat aac aaa gtc att taa 478
Asn Asn Lys Val Ile 110
105 110

<210> 286
<211> 110
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 286

Met Tyr Gln Thr Val Ile Ser Ser Tyr Gln Gly Tyr Ser Ala Ala Leu
1 5 10 15

Thr Met Pro Gly Thr Gly Phe Pro Thr Ala Phe Arg Val Ala Phe Leu
20 25 30

Glu Leu Ala Lys Lys Ser Ile Gly Arg Val Gly Ala Glu Gly Ser Lys
35 40 45

Ile Leu Thr Val Ser Ser Gln Lys Gly Trp Leu Thr Pro Leu Ser Ala
50 55 60

Asp Ser Pro Thr Ile Asp Gly His Gln Ala Asp Val Trp Leu Ser Asp
65 70 75 80

Ile Ser Arg Ser Cys Cys Ile Gln Thr Val Ser Ile Ser Thr Ala Gln
85 90 95

Ser Asp Glu Leu Gly His Arg Lys Glu Asn Asn Lys Val Ile
100 105 110

<210> 287
<211> 487
<212> DNA

05.10.04

XPs.ST25.txt

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (17)..(421)

<223>

<400> 287

```

agtggcagct tggctg atg agc tat aag cca gcc ttg ttt ggg ttc cta ttc      52
          Met Ser Tyr Lys Pro Ala Leu Phe Gly Phe Leu Phe
          1          5          10

ctt ctg ctg ttg ctt agc aac tgg ttg gtc aag tat gaa cac aag ctc      100
Leu Leu Leu Leu Leu Ser Asn Trp Leu Val Lys Tyr Glu His Lys Leu
          15          20          25

acc ctc cca gag ccc cag cag gag gaa gag aaa cca aag act tct gaa      148
Thr Leu Leu Pro Glu Pro Gln Gln Glu Glu Glu Lys Pro Lys Thr Ser Glu
          30          35          40

aac gac tcc aag aac agc aag gcc gtg aac aca aaa gaa gtc aat aga      196
Asn Asp Ser Lys Asn Ser Lys Ala Val Asn Thr Lys Glu Val Asn Arg
          45          50          55          60

g cat gcc tgc ttt gcc ctc cag gac gag atc ctc caa cgg ctg ttg      244
nr His Ala Cys Phe Ala Leu Gln Asp Glu Ile Leu Gln Arg Leu Leu
          65          70          75

ttc agt gaa atg aag atg aag gtc cta gaa aat cag atg ttc atc ata      292
Phe Ser Glu Met Lys Met Lys Val Leu Glu Asn Gln Met Phe Ile Ile
          80          85          90

tgg aat aaa atg aat cac cac ggg cgg tca agc aga cat cgg aat ttt      340
Trp Asn Lys Met Asn His His Gly Arg Ser Ser Arg His Arg Asn Phe
          95          100          105

ccc atg aaa aaa cac aga atg agg agg cat gag tca att tgc ccc acc      388
Pro Met Lys Lys His Arg Met Arg Arg His Glu Ser Ile Cys Pro Thr
          110          115          120

ctg tct gac tgt act tcg agt tcc ccc agc taa tgaggccgag gcgggctggc      441
Leu Ser Asp Cys Thr Ser Ser Ser Pro Ser
          125          130

ctctgccgat gttacctttt acctcagtaa aaccagtc cagcct      487

```

<210> 288

<211> 134

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 288

```

Met Ser Tyr Lys Pro Ala Leu Phe Gly Phe Leu Phe Leu Leu Leu Leu
1          5          10          15

Leu Ser Asn Trp Leu Val Lys Tyr Glu His Lys Leu Thr Leu Pro Glu
          20          25          30

Pro Gln Gln Glu Glu Glu Lys Pro Lys Thr Ser Glu Asn Asp Ser Lys
          35          40          45

Asn Ser Lys Ala Val Asn Thr Lys Glu Val Asn Arg Thr His Ala Cys
          50          55          60

```

05.10.04

XPs.ST25.txt

Phe Ala Leu Gln Asp Glu Ile Leu Gln Arg Leu Leu Phe Ser Glu Met
65 70 75 80

Lys Met Lys Val Leu Glu Asn Gln Met Phe Ile Ile Trp Asn Lys Met
85 90 95

Asn His His Gly Arg Ser Ser Arg His Arg Asn Phe Pro Met Lys Lys
100 105 110

His Arg Met Arg Arg His Glu Ser Ile Cys Pro Thr Leu Ser Asp Cys
115 120 125

Thr Ser Ser Ser Pro Ser
130

<210> 289
<211> 739
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (17)..(739)
<223>

<400> 289
caccttttct gctgcc atg aca acc atg caa gga atg gaa cag acc act cca 52
Met Thr Thr Met Gln Gly Met Glu Gln Thr Thr Pro
1 5 10

ggg gct ggc cct gat gtg ccc cag ctg gga aac ata gat gtc ata cat 100
Gly Ala Gly Pro Asp Val Pro Gln Leu Gly Asn Ile Asp Val Ile His
15 20 25

tca tat ctg tgt aaa gga ttg caa gag aag ttc ttc aag agg aaa ccc 148
Ser Tyr Leu Cys Lys Gly Leu Gln Glu Lys Phe Phe Lys Arg Lys Pro
30 35 40

aaa gtc ctt ggg gtt gtg cgg att ctg att gcc ttg atg agc ctt agc 196
Lys Val Leu Gly Val Val Arg Ile Leu Ile Ala Leu Met Ser Leu Ser
5 50 55 60

atg gga ata ata atg atg tgt gtt gca ttt agt tct tat gaa gaa cat 244
Met Gly Ile Ile Met Met Cys Val Ala Phe Ser Ser Tyr Glu Glu His
65 70 75

ccc att ttt gtg tat gtt gcg tac aca att tgg ggg tca gtg atg tat 292
Pro Ile Phe Val Tyr Val Ala Tyr Thr Ile Trp Gly Ser Val Met Tyr
80 85 90

aag tac cag tac caa gag cca gct gta ata tcc tta tca gtt gca gca 340
Lys Tyr Gln Tyr Gln Glu Pro Ala Val Ile Ser Leu Ser Val Ala Ala
95 100 105

gga att aga aca aca aaa ggt ctg gtt gga ggt agt cta gga aag aat 388
Gly Ile Arg Thr Thr Lys Gly Leu Val Gly Gly Ser Leu Gly Lys Asn
110 115 120

atc acc agt tca gtc ttg gct ata tca ggg atc tta atc aat gca ata 436
Ile Thr Ser Ser Val Leu Ala Ile Ser Gly Ile Leu Ile Asn Ala Ile
125 130 135 140

05.10.04

XPs.ST25.txt

agc ttg acg ttt tat tca ttc cgt tac cat tac tgt aac cac gat cag Ser Leu Thr Phe Tyr Ser Phe Arg Tyr His Tyr Cys Asn His Asp Gln 145 150 155	484
ttg tca agt aat tgt tac atg act atg tcc att tta atg ggt acg gat Leu Ser Ser Asn Cys Tyr Met Thr Met Ser Ile Leu Met Gly Thr Asp 160 165 170	532
ggc atg gtg ctc ctc tta agt gtg ctg gaa ttc tgc att gct gtg gcc Gly Met Val Leu Leu Leu Ser Val Leu Glu Phe Cys Ile Ala Val Ala 175 180 185	580
ctc tct gcc ttt gga tgt aaa gtg ctt tgt tgt agc ccc agt gag acg Leu Ser Ala Phe Gly Cys Lys Val Leu Cys Cys Ser Pro Ser Glu Thr 190 195 200	628
agc aga act gag aag cgc caa gtg aag gat cag acc cta gca aaa tcc Ser Arg Thr Glu Lys Arg Gln Val Lys Asp Gln Thr Leu Ala Lys Ser 205 210 215 220	676
ttt gca tct cca agt caa agt tta cct caa gtt ggg cca atc cct gac Phe Ala Ser Pro Ser Gln Ser Leu Pro Gln Val Gly Pro Ile Pro Asp 225 230 235	724
gtt tta aat ata taa Val Leu Asn Ile 240	739

<210> 290
<211> 240
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 290

Met Thr Thr Met Gln Gly Met Glu Gln Thr Thr Pro Gly Ala Gly Pro
1 5 10 15

Asp Val Pro Gln Leu Gly Asn Ile Asp Val Ile His Ser Tyr Leu Cys
20 25 30

Lys Gly Leu Gln Glu Lys Phe Phe Lys Arg Lys Pro Lys Val Leu Gly
35 40 45

Val Val Arg Ile Leu Ile Ala Leu Met Ser Leu Ser Met Gly Ile Ile
50 55 60

Met Met Cys Val Ala Phe Ser Ser Tyr Glu Glu His Pro Ile Phe Val
65 70 75 80

Tyr Val Ala Tyr Thr Ile Trp Gly Ser Val Met Tyr Lys Tyr Gln Tyr
85 90 95

Gln Glu Pro Ala Val Ile Ser Leu Ser Val Ala Ala Gly Ile Arg Thr
100 105 110

Thr Lys Gly Leu Val Gly Gly Ser Leu Gly Lys Asn Ile Thr Ser Ser
115 120 125

06.10.04

XPs.ST25.txt

Val Leu Ala Ile Ser Gly Ile Leu Ile Asn Ala Ile Ser Leu Thr Phe
130 135 140

Tyr Ser Phe Arg Tyr His Tyr Cys Asn His Asp Gln Leu Ser Ser Asn
145 150 155 160

Cys Tyr Met Thr Met Ser Ile Leu Met Gly Thr Asp Gly Met Val Leu
165 170 175

Leu Leu Ser Val Leu Glu Phe Cys Ile Ala Val Ala Leu Ser Ala Phe
180 185 190

Gly Cys Lys Val Leu Cys Cys Ser Pro Ser Glu Thr Ser Arg Thr Glu
195 200 205

Lys Arg Gln Val Lys Asp Gln Thr Leu Ala Lys Ser Phe Ala Ser Pro
210 215 220

Ser Gln Ser Leu Pro Gln Val Gly Pro Ile Pro Asp Val Leu Asn Ile
225 230 235 240

<210> 291
<211> 2412
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (308)..(1024)
<223>

<400> 291
gaacccaggc atcctgggct ccagctgaaa ccattgcatg tggctttccc catccctggc 60

cccgtgactc agtccctctg aagggagcag ccctcttttt tggcaatcac cagggaggtg 120

gggggaggag gaggggagct aggtggtgac atcacagtcg aaggttataa aagcttccag 180

aaacggca ttgaagttga agatacaacc tgacagcaca gcctgagatc ttggggatcc 240

ctcagcctaa caccacaga cgtcagctgg tggattcccg ctgcatcaag gcctaccac 300

tgtctcc atg ctg ggc tct ccc tgc ctt ctg tgg ctc ctg gcc gtg acc 349
Met Leu Gly Ser Pro Cys Leu Leu Trp Leu Leu Ala Val Thr
1 5 10

ttc ttg gtt ccc aga gct cag ccc ttg gcc cct caa gac ttt gaa gaa 397
Phe Leu Val Pro Arg Ala Gln Pro Leu Ala Pro Gln Asp Phe Glu Glu
15 20 25 30

gag gag gca gat gag act gag acg gcg tgg ccg cct ttg ccg gct gtc 445
Glu Glu Ala Asp Glu Thr Glu Thr Ala Trp Pro Pro Leu Pro Ala Val
35 40 45

ccc tgc gac tac gac cac tgc cga cac ctg cag gtg ccc tgc aag gag 493
Pro Cys Asp Tyr Asp His Cys Arg His Leu Gln Val Pro Cys Lys Glu
50 55 60

cta cag agg gtc ggg ccg gcg gcc tgc ctg tgc cca gga ctc tcc agc 541
Leu Gln Arg Val Gly Pro Ala Ala Cys Leu Cys Pro Gly Leu Ser Ser

05.10.04

XPs.ST25.txt

65	70	75			
ccc gcc cag ccg ccc gac ccg ccg cgc atg gga gaa gtg cgc att gcg Pro Ala Gln Pro Pro Asp Pro Pro Arg Met Gly Glu Val Arg Ile Ala	80	85	90	589	
gcc gaa gag ggc cgc gca gtg gtc cac tgg tgt gcc ccc ttc tcc ccg Ala Glu Glu Gly Arg Ala Val Val His Trp Cys Ala Pro Phe Ser Pro	95	100	105	110	637
gtc ctc cac tac tgg ctg ctg ctt tgg gac ggc agc gag gct gcg cag Val Leu His Tyr Trp Leu Leu Leu Trp Asp Gly Ser Glu Ala Ala Gln	115	120	125	685	
aag ggg ccc ccg ctg aac gct acg gtc cgc aga gcc gaa ctg aag ggg Lys Gly Pro Pro Leu Asn Ala Thr Val Arg Arg Ala Glu Leu Lys Gly	130	135	140	733	
ctg aag cca ggg ggc att tat gtc gtt tgc gta gtg gcc gct aac gag Leu Lys Pro Gly Gly Ile Tyr Val Val Cys Val Val Ala Ala Asn Glu	145	150	155	781	
gcc ggg gca agc cgc gtg ccc cag gct gga gga gag ggc ctc gag ggg Ala Gly Ala Ser Arg Val Pro Gln Ala Gly Gly Glu Gly Leu Glu Gly	160	165	170	829	
gcc gac atc cct gcc ttc ggg cct tgc agc cgc ctt gcg gtg ccg ccc Ala Asp Ile Pro Ala Phe Gly Pro Cys Ser Arg Leu Ala Val Pro Pro	175	180	185	190	877
aac ccc cgc act ctg gtc cac gcg gcc gtc ggg gtg ggc acg gcc ctg Asn Pro Arg Thr Leu Val His Ala Ala Val Gly Val Gly Thr Ala Leu	195	200	205	925	
gcc ctg cta agc tgt gcc gcc ctg gtg tgg cac ttc tgc ctg cgc gat Ala Leu Leu Ser Cys Ala Ala Leu Val Trp His Phe Cys Leu Arg Asp	210	215	220	973	
cgc tgg ggc tgc ccg cgc cga gcc gcc gcc cga gcc gca ggg gcg ctc Arg Trp Gly Cys Pro Arg Arg Ala Ala Ala Arg Ala Ala Gly Ala Leu	225	230	235	1021	
tga aaggggcctg ggggcatctc gggcacagac agccccacct ggggcgctca				1074	
gcctggcccc cgaggaaagag gaaaacccgc tgcctccagg gagggctgga cggcgagctg				1134	
agccagcc ccaggctcca gggccacggc ggagtcattg ttctcaggac tgagcgcttg				1194	
tttaggtccg gtacttggcg ctttgtttcc tggctgaggt ctgggaagga atagaaaggg				1254	
gcccccaatt tttttttaag cggccagata ataaataatg taacctttgc ggtttaagag				1314	
gataaaatgg aggatattat tatgtgggta tttatatgac ctttgtaacc atttaaaaat				1374	
gtaaaaacga cctgacttag taatgcgaac ctatagtagc agctactcca gaggctgaaa				1434	
tgggaggatc tcttgagccc aggagttgga gtccagtcca gccagggcaa cacagccaga				1494	
cgcccttggt ttttattttg ttttgttttg gttttttggt ttttgaggag tttccctctg				1554	
tcacacaagc tggagggcaa tggcgccatc tcagctcact gcaacgtcca cctcctgggt				1614	
tcaagcgatt ctctgcctc agcatcctaa ttagttggga ttacaggcgc ccaccacat				1674	
gcccggctaa tttttgtggt tttttagtag agacgggggt tcaccatggt gtcaggctgg				1734	
tctcaaactc ctgacctcag gtactccacc cgccttggtc tctcaaagtg ctgggattac				1794	

05.10.04

XPs.ST25.txt

```

aggcataagc cactgtgccc aggcagaccc ctttctttaa agatgtaaaa cccggccggg 1854
cgcggtggct cacgcctgta atcccagcac tttgggaggc tgaggcgggc agatcacgaa 1914
gtcaggagat cgagaccatc ctggctaaca cggtgaaacc ccgtctctac taaaaataca 1974
aaaattagcc gggcatgggtg gtgggtacct gtagtcccag ctactccgga ggctgaggca 2034
ggagaatggc gtgaacccgg gaggcggatc ttgcagtga cggagattgc accactgcac 2094
tccagcctgg gtgacagagc aagactccct ctcaaaagaa aaagaaaaaa gatgtaaaaa 2154
ccattcttag tttgtgggcc ttacaaatca ggccactggc ccattgcttg tagttagttg 2214
atccatgtca tgcaccctaa aaatggctct gtcactgtga gtggcttcag taggattttg 2274
agaataagtt tatattcttg ctaggtaaaa caaaacaaaa acgacagtaa taccaaggaa 2334
tctccccccc cttttaccct ccatttgtgt ttattgcata tccactataa caacattaaa 2394
ggacctttaa aagggaagt 2412

```

<210> 292
 <211> 238
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 292

Met Leu Gly Ser Pro Cys Leu Leu Trp Leu Leu Ala Val Thr Phe Leu
 1 5 10 15

Val Pro Arg Ala Gln Pro Leu Ala Pro Gln Asp Phe Glu Glu Glu Glu
 20 25 30

Ala Asp Glu Thr Glu Thr Ala Trp Pro Pro Leu Pro Ala Val Pro Cys
 35 40 45

Asp Tyr Asp His Cys Arg His Leu Gln Val Pro Cys Lys Glu Leu Gln
 50 55 60

Arg Val Gly Pro Ala Ala Cys Leu Cys Pro Gly Leu Ser Ser Pro Ala
 65 70 75 80

Gln Pro Pro Asp Pro Pro Arg Met Gly Glu Val Arg Ile Ala Ala Glu
 85 90 95

Glu Gly Arg Ala Val Val His Trp Cys Ala Pro Phe Ser Pro Val Leu
 100 105 110

His Tyr Trp Leu Leu Leu Trp Asp Gly Ser Glu Ala Ala Gln Lys Gly
 115 120 125

Pro Pro Leu Asn Ala Thr Val Arg Arg Ala Glu Leu Lys Gly Leu Lys
 130 135 140

Pro Gly Gly Ile Tyr Val Val Cys Val Val Ala Ala Asn Glu Ala Gly
 145 150 155 160

05.10.04

XP.S.T25.txt

Ala Ser Arg Val Pro Gln Ala Gly Gly Glu Gly Leu Glu Gly Ala Asp
165 170 175

Ile Pro Ala Phe Gly Pro Cys Ser Arg Leu Ala Val Pro Pro Asn Pro
180 185 190

Arg Thr Leu Val His Ala Ala Val Gly Val Gly Thr Ala Leu Ala Leu
195 200 205

Leu Ser Cys Ala Ala Leu Val Trp His Phe Cys Leu Arg Asp Arg Trp
210 215 220

Gly Cys Pro Arg Arg Ala Ala Ala Arg Ala Ala Gly Ala Leu
225 230 235

<210> 293
<211> 867
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(867)
<223>

<400> 293
atg aca att cac acc aaa aaa caa ata aca aca cac aag aaa ctc aca 48
Met Thr Ile His Thr Lys Lys Gln Ile Thr Thr His Lys Lys Leu Thr
1 5 10 15

gct gtg ttc aag tgg gaa cgc cag tac tgt ttt agg agg aaa gag gac 96
Ala Val Phe Lys Trp Glu Arg Gln Tyr Cys Phe Arg Arg Lys Glu Asp
20 25 30

aaa ggc aac aaa cca aca tct gct tgc ttg cta tct ggt aca tca cca 144
Lys Gly Asn Lys Pro Thr Ser Ala Cys Leu Leu Ser Gly Thr Ser Pro
35 40 45

gga act ttc cgc aga ccc ttc gcg atc tgc aat ctg ggg gtg aag caa 192
Gly Thr Phe Arg Arg Pro Phe Ala Ile Cys Asn Leu Gly Val Lys Gln
50 55 60

cat gga tgc agc cag cca agg ccc tgt gga agt cgt gct tct caa gca 240
His Gly Cys Ser Gln Pro Arg Pro Cys Gly Ser Arg Ala Ser Gln Ala
65 70 75 80

cac cct gga tgt ctg gtc act gtc ctc agc atc cgg gcc atc att gtc 288
His Pro Gly Cys Leu Val Thr Val Leu Ser Ile Arg Ala Ile Ile Val
85 90 95

atc atg tcc tcc ttg ttg ctg tgc cca ggc act gca gtc atc atc tac 336
Ile Met Ser Ser Leu Leu Leu Cys Pro Gly Thr Ala Val Ile Ile Tyr
100 105 110

cgc acg cag acc cat cgg gtc ctc agt ggg gct gtc cgc gag cct ccc 384
Arg Thr Gln Thr His Arg Val Leu Ser Gly Ala Val Arg Glu Pro Pro
115 120 125

aag agg gcc aga aaa tat cgc cag tac tgg aag cta aga ttg gac tat 432
Lys Arg Ala Arg Lys Tyr Arg Gln Tyr Trp Lys Leu Arg Leu Asp Tyr
130 135 140

08.10.04

XPs.ST25.txt

ttt act gct gta cat aag caa agc ctt aat ctg gct tta agg ctc aaa Phe Thr Ala Val His Lys Gln Ser Leu Asn Leu Ala Leu Arg Leu Lys 145 150 155 160	480
gaa aga ttc tac agc tca ttt tct cat gtt gct gtt tat cag cat ttg Glu Arg Phe Tyr Ser Phe Ser His Val Ala Val Tyr Gln His Leu 165 170 175	528
gat ttg agt tgt ggt tgg ctg ggc caa agc cag gaa gcc agg cag cct Asp Leu Ser Cys Gly Trp Leu Gly Gln Ser Gln Glu Ala Arg Gln Pro 180 185 190	576
tgc aat cag atc acg gac aaa ggc cag atg tca gtc act gaa gca aaa Cys Asn Gln Ile Thr Asp Lys Gly Gln Met Ser Val Thr Glu Ala Lys 195 200 205	624
ata ata cag aat ctt gat tcc aaa ggt aga tcc aaa act aag agg ata Ile Ile Gln Asn Leu Asp Ser Lys Gly Arg Ser Lys Thr Lys Arg Ile 210 215 220	672
agc agg atg gaa gag cca tcc atg tac tgg agt caa aga aag tcc aaa r Arg Met Glu Glu Pro Ser Met Tyr Trp Ser Gln Arg Lys Ser Lys 225 230 235 240	720
tgc cag gaa act tac cca acc cag tct gag caa caa gct gaa aag cag Cys Gln Glu Thr Tyr Pro Thr Gln Ser Glu Gln Gln Ala Glu Lys Gln 245 250 255	768
ggt tct gag aac cag gta tta agg gga gtt ccc aga gga gct tgg gaa Gly Ser Glu Asn Gln Val Leu Arg Gly Val Pro Arg Gly Ala Trp Glu 260 265 270	816
aca cag aaa ata aga ggc tgc aag cct gtt ctg agg tgg aaa agg atc Thr Gln Lys Ile Arg Gly Cys Lys Pro Val Leu Arg Trp Lys Arg Ile 275 280 285	864
taa	867

<210> 294
<211> 288
<212> PRT
<213> Homo sapiens

00> 294

Met Thr Ile His Thr Lys Lys Gln Ile Thr Thr His Lys Lys Leu Thr
1 5 10 15

Ala Val Phe Lys Trp Glu Arg Gln Tyr Cys Phe Arg Arg Lys Glu Asp
20 25 30

Lys Gly Asn Lys Pro Thr Ser Ala Cys Leu Leu Ser Gly Thr Ser Pro
35 40 45

Arg Thr Phe Arg Arg Pro Phe Ala Ile Cys Asn Leu Gly Val Lys Gln
50 55 60

His Gly Cys Ser Gln Pro Arg Pro Cys Gly Ser Arg Ala Ser Gln Ala
65 70 75 80

His Pro Gly Cys Leu Val Thr Val Leu Ser Ile Arg Ala Ile Ile Val
seite 430

05.10.04

XP5.ST25.txt
90

85

95

Ile Met Ser Ser Leu Leu Leu Cys Pro Gly Thr Ala Val Ile Ile Tyr
100 105 110

Arg Thr Gln Thr His Arg Val Leu Ser Gly Ala Val Arg Glu Pro Pro
115 120 125

Lys Arg Ala Arg Lys Tyr Arg Gln Tyr Trp Lys Leu Arg Leu Asp Tyr
130 135 140

Phe Thr Ala Val His Lys Gln Ser Leu Asn Leu Ala Leu Arg Leu Lys
145 150 155 160

Glu Arg Phe Tyr Ser Ser Phe Ser His Val Ala Val Tyr Gln His Leu
165 170 175

Pro Leu Ser Cys Gly Trp Leu Gly Gln Ser Gln Glu Ala Arg Gln Pro
180 185 190

Cys Asn Gln Ile Thr Asp Lys Gly Gln Met Ser Val Thr Glu Ala Lys
195 200 205

Ile Ile Gln Asn Leu Asp Ser Lys Gly Arg Ser Lys Thr Lys Arg Ile
210 215 220

Ser Arg Met Glu Glu Pro Ser Met Tyr Trp Ser Gln Arg Lys Ser Lys
225 230 235 240

Cys Gln Glu Thr Tyr Pro Thr Gln Ser Glu Gln Gln Ala Glu Lys Gln
245 250 255

Gly Ser Glu Asn Gln Val Leu Arg Gly Val Pro Arg Gly Ala Trp Glu
260 265 270

Thr Gln Lys Ile Arg Gly Cys Lys Pro Val Leu Arg Trp Lys Arg Ile
275 280 285

<210> 295
<211> 4488
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(4488)
<223>

<400> 295
atg gaa gag gaa aat gca aca ttg ctg aca gag ttt gtt ctc aca gga
Met Glu Glu Glu Asn Ala Thr Leu Leu Thr Glu Phe Val Leu Thr Gly
1 5 10 15

48

ttt tta tat caa cca cag tgg aaa ata ccc ctg ttc ttg gca ttc ttg
Phe Leu Tyr Gln Pro Gln Trp Lys Ile Pro Leu Phe Leu Ala Phe Leu
seite 431

96

05.10.04

XPs.ST25.txt

20

25

30

gta ata tat ctc atc acc atc atg ggg aat ctt ggt ctg att gct gtc Val Ile Tyr Leu Ile Thr Ile Met Gly Asn Leu Gly Leu Ile Ala Val 35 40 45	144
atc tgg aaa gac cct cac ctt cat atc cca atg tac tta ctc ctt ggg Ile Trp Lys Asp Pro His Leu His Ile Pro Met Tyr Leu Leu Leu Gly 50 55 60	192
aat tta gct ttt gtg gat gct tgg ata tca tcc aca gtg acc cca aag Asn Leu Ala Phe Val Asp Ala Trp Ile Ser Ser Thr Val Thr Pro Lys 65 70 75 80	240
atg ctg aat aac ttc tta gct aag agt aag atg ata tct ctc tct gaa Met Leu Asn Asn Phe Leu Ala Lys Ser Lys Met Ile Ser Leu Ser Glu 85 90 95	288
tgc aag ata caa ttt ttt tcc att gca att ggc gta acc aca gaa tgt Cys Lys Ile Gln Phe Phe Ser Ile Ala Ile Gly Val Thr Thr Glu Cys 100 105 110	336
tt ctc ttg gca aca atg gca tat gat cgc tat gta gcc ata tgc aaa Leu Leu Ala Thr Met Ala Tyr Asp Arg Tyr Val Ala Ile Cys Lys 115 120 125	384
cct tta ctt tat cca gcc att atg acc aat gga ctg tgc atc cgg cta Pro Leu Leu Tyr Pro Ala Ile Met Thr Asn Gly Leu Cys Ile Arg Leu 130 135 140	432
tta atc ttg tca tat ata gct ggt att ctt cat gct tta atc cat gaa Leu Ile Leu Ser Tyr Ile Ala Gly Ile Leu His Ala Leu Ile His Glu 145 150 155 160	480
gga ttt tta ttc aga cta acc ttc tgt aac tcc aac ata gta cat cac Gly Phe Leu Phe Arg Leu Thr Phe Cys Asn Ser Asn Ile Val His His 165 170 175	528
att tac tgt gac act atc cca ttg tct aag att tct tgt act gat tct Ile Tyr Cys Asp Thr Ile Pro Leu Ser Lys Ile Ser Cys Thr Asp Ser 180 185 190	576
tct att aat ttt cta atg gtt ttt att ttc tca ggt tca att cag gta Ser Ile Asn Phe Leu Met Val Phe Ile Phe Ser Gly Ser Ile Gln Val 195 200 205	624
tc agc att gtg act att ctt ata tct tac aca ttt gtt ctc ttc aca Phe Ser Ile Val Thr Ile Leu Ile Ser Tyr Thr Phe Val Leu Phe Thr 210 215 220	672
gtc tta gaa aag aaa tct gat aag ggt agg aca tgc agt gag gac atg Val Leu Glu Lys Lys Ser Asp Lys Gly Arg Thr Cys Ser Glu Asp Met 225 230 235 240	720
gaa gag gaa aat gca aca ttg ctg aca gag ttt gtt ctc aca gga ctt Glu Glu Glu Asn Ala Thr Leu Leu Thr Glu Phe Val Leu Thr Gly Leu 245 250 255	768
tta tat caa cca cag tgg aaa ata ccc ctg ttc ctg aca ttc ttg gta Leu Tyr Gln Pro Gln Trp Lys Ile Pro Leu Phe Leu Thr Phe Leu Val 260 265 270	816
ata tat ctc atc acc atc atg ggg aat ctt ggt ctg att gct gtc atc Ile Tyr Leu Ile Thr Ile Met Gly Asn Leu Gly Leu Ile Ala Val Ile 275 280 285	864
tgg aaa gac cct cac ctt cag atc cca atg tac tta ctc ctc ggg aat Trp Lys Asp Pro His Leu Gln Ile Pro Met Tyr Leu Leu Leu Gly Asn 290 295 300	912

05.10.04

XPs.ST25.txt
300

290

295

tta gct ttt gta gat gct tgg ata tca tct aca gtg act cca aag atg Leu Ala Phe Val Asp Ala Trp Ile Ser Ser Thr Val Thr Pro Lys Met 305 310 315 320	960
ctg aat aac ttc tta gct aag agt aag atg gta tct ctg cct gaa agc Leu Asn Asn Phe Leu Ala Lys Ser Lys Met Val Ser Leu Pro Glu Ser 325 330 335	1008
aaa ata cag ttt ttt tct ttt gca atc agt gta acc act gaa tgt ttt Lys Ile Gln Phe Phe Ser Phe Ala Ile Ser Val Thr Thr Glu Cys Phe 340 345 350	1056
ctc ttg gca aca atg gca tat gat cgc tat gta gcc ata tgc aaa cct Leu Leu Ala Thr Met Ala Tyr Asp Arg Tyr Val Ala Ile Cys Lys Pro 355 360 365	1104
tta ctt tat cca gcc att atg acc aat gga ctg tgc atc cgg cta tgt Leu Leu Tyr Pro Ala Ile Met Thr Asn Gly Leu Cys Ile Arg Leu Cys 370 375 380	1152
tca att caa gtt ttc acc att ggg act ggt ctt ata tct tat aca ttt Leu Ile Gln Val Phe Thr Ile Gly Thr Gly Leu Ile Ser Tyr Thr Phe 385 390 395 400	1200
gtc ctc ttt aca atc ttg aaa aag aaa tct gtc aaa ggt ata aga aaa Val Leu Phe Thr Ile Leu Lys Lys Lys Ser Val Lys Gly Ile Arg Lys 405 410 415	1248
gcc ttc tcc acc tgt gga gct cat ctc tta tct gta tct tta tac cat Ala Phe Ser Thr Cys Gly Ala His Leu Leu Ser Val Ser Leu Tyr His 420 425 430	1296
ggg ccc ctc gac ttc atg tat atg ggc tct gca tcc cca cag gct gat Gly Pro Leu Asp Phe Met Tyr Met Gly Ser Ala Ser Pro Gln Ala Asp 435 440 445	1344
gac gaa gac atg atg gag tct cta ttt tac act gtc ata gtt cct tta Asp Glu Asp Met Met Glu Ser Leu Phe Tyr Thr Val Ile Val Pro Leu 450 455 460	1392
tta aat ccc atg acc tac agc ctg aga aac aaa caa agg aca tgc agt Leu Asn Pro Met Thr Tyr Ser Leu Arg Asn Lys Gln Arg Thr Cys Ser 465 470 475 480	1440
at gac atg gaa gag gaa aat gca aca tta ctg aca gaa ttt gtt ctc Asp Asp Met Glu Glu Glu Asn Ala Thr Leu Leu Thr Glu Phe Val Leu 485 490 495	1488
aca gga ttt tta tgt caa caa gga ttt tta tgg gaa ata ccc ctg ttc Thr Gly Phe Leu Cys Gln Gln Gly Phe Leu Trp Glu Ile Pro Leu Phe 500 505 510	1536
ctg gca ttc ttg gta ata gat ctc atc acc atc atg ggg aat ctt ggt Leu Ala Phe Leu Val Ile Asp Leu Ile Thr Ile Met Gly Asn Leu Gly 515 520 525	1584
ctg att ttt ctc atc tgg aaa gac cct cac ctt cat att tca atg tac Leu Ile Phe Leu Ile Trp Lys Asp Pro His Leu His Ile Ser Met Tyr 530 535 540	1632
tta ttc ctt ggg agt tta gct ttt gtg gat act tgg tta tca tcc aca Leu Phe Leu Gly Ser Leu Ala Phe Val Asp Thr Trp Leu Ser Ser Thr 545 550 555 560	1680
gtg act ccg aag atg ctg atc aac ttc tta gct aag aat tca att caa Val Thr Pro Lys Met Leu Ile Asn Phe Leu Ala Lys Asn Ser Ile Gln 565 570 575 580	1728

08.10.04

XPs.ST25.txt
570

565

575

gtt	ttt	acc	att	gga	act	att	ctt	ata	tct	tat	aca	ctt	gtc	ctc	ctt	1776
Val	Phe	Thr	Ile	Gly	Thr	Ile	Leu	Ile	Ser	Tyr	Thr	Leu	Val	Leu	Leu	
			580					585					590			
ata	atc	tta	aaa	aat	aag	tct	gtc	aaa	ggg	ata	caa	aaa	gct	gtc	tcc	1824
Ile	Ile	Leu	Lys	Asn	Lys	Ser	Val	Lys	Gly	Ile	Gln	Lys	Ala	Val	Ser	
		595					600					605				
acc	tgt	gga	gct	cat	ctc	tta	tct	gta	tct	tta	tac	tat	ggg	ccc	ctt	1872
Thr	Cys	Gly	Ala	His	Leu	Leu	Ser	Val	Ser	Leu	Tyr	Tyr	Gly	Pro	Leu	
	610					615					620					
gtc	ttc	atg	tat	gtg	ggc	tct	gca	tcc	ccg	caa	gca	gat	gac	caa	gat	1920
Val	Phe	Met	Tyr	Val	Gly	Ser	Ala	Ser	Pro	Gln	Ala	Asp	Asp	Gln	Asp	
625					630					635					640	
atg	atg	gag	tct	cta	ttt	tac	act	gtc	atc	gtt	cct	tta	tta	aat	tcc	1968
Met	Met	Glu	Ser	Leu	Phe	Tyr	Thr	Val	Ile	Val	Pro	Leu	Leu	Asn	Ser	
				645					650					655		
gtg	atc	tac	agc	ctg	aga	aac	aag	caa	agg	aca	tgc	agt	gag	gag	atg	2016
Met	Ile	Tyr	Ser	Leu	Arg	Asn	Lys	Gln	Arg	Thr	Cys	Ser	Glu	Glu	Met	
			660					665					670			
gaa	gag	gaa	aat	gca	aca	ttg	ctg	aca	gag	ttt	gtt	ctc	aca	gga	ttt	2064
Glu	Glu	Glu	Asn	Ala	Thr	Leu	Leu	Thr	Glu	Phe	Val	Leu	Thr	Gly	Phe	
		675					680					685				
tta	cat	caa	cct	gac	tgt	aaa	ata	ccg	ctc	ttc	ctg	gca	ttc	ttg	gta	2112
Leu	His	Gln	Pro	Asp	Cys	Lys	Ile	Pro	Leu	Phe	Leu	Ala	Phe	Leu	Val	
	690					695					700					
ata	tat	ctc	atc	acc	atc	atg	ggg	aat	ctt	ggg	cta	att	gtt	ctc	atc	2160
Ile	Tyr	Leu	Ile	Thr	Ile	Met	Gly	Asn	Leu	Gly	Leu	Ile	Val	Leu	Ile	
705					710					715					720	
tgg	aaa	gac	cct	cac	ctt	cat	atc	cca	atg	tac	tta	ttc	ctt	ggg	agt	2208
Trp	Lys	Asp	Pro	His	Leu	His	Ile	Pro	Met	Tyr	Leu	Phe	Leu	Gly	Ser	
				725					730					735		
tta	gcc	ttt	gtg	gat	gct	tcg	tta	tca	tcc	aca	gtg	act	ccg	aag	atg	2256
Leu	Ala	Phe	Val	Asp	Ala	Ser	Leu	Ser	Ser	Thr	Val	Thr	Pro	Lys	Met	
			740					745					750			
gtg	atc	aac	ttc	tta	gct	aag	agt	aag	atg	ata	tct	ctc	tct	gaa	tgc	2304
Leu	Ile	Asn	Phe	Leu	Ala	Lys	Ser	Lys	Met	Ile	Ser	Leu	Ser	Glu	Cys	
		755					760					765				
atg	gta	caa	ttt	ttt	tcc	ctt	gta	acc	act	gta	acc	aca	gaa	tgt	ttt	2352
Met	Val	Gln	Phe	Phe	Ser	Leu	Val	Thr	Thr	Val	Thr	Thr	Glu	Cys	Phe	
	770					775					780					
ctc	ttg	gca	aca	atg	gca	tat	gat	cgc	tat	gta	gcc	att	tgc	aaa	gct	2400
Leu	Leu	Ala	Thr	Met	Ala	Tyr	Asp	Arg	Tyr	Val	Ala	Ile	Cys	Lys	Ala	
785					790					795					800	
tta	ctt	tat	cca	gtc	att	atg	acc	aat	gaa	cta	tgc	att	cag	cta	tta	2448
Leu	Leu	Tyr	Pro	Val	Ile	Met	Thr	Asn	Glu	Leu	Cys	Ile	Gln	Leu	Leu	
				805					810					815		
gtc	ttg	tca	ttt	ata	ggg	ggc	ctt	ctt	cat	gct	tta	atc	cat	gaa	gct	2496
Val	Leu	Ser	Phe	Ile	Gly	Gly	Leu	Leu	His	Ala	Leu	Ile	His	Glu	Ala	
			820					825					830			
ttt	tca	ttc	aga	tta	acc	ttc	tgt	aat	tcc	aac	ata	ata	caa	cac	ttt	2544
Phe	Ser	Phe	Arg	Leu	Thr	Phe	Cys	Asn	Ser	Asn	Ile	Ile	Gln	His	Phe	

05.10.04

XPs.ST25.txt

835	840	845	
tac tgt gac att atc cca ttg tta aag att tcc tgt act gat tcc tct			2592
Tyr Cys Asp Ile Ile Pro Leu Leu Lys Ile Ser Cys Thr Asp Ser Ser	850	860	
att aac ttt cta atg gtt ttt att ttc gca ggt tct gtt caa gtt ttt			2640
Ile Asn Phe Leu Met Val Phe Ile Phe Ala Gly Ser Val Gln Val Phe	865	875	880
acc att gga act att ctt ata tct tat aca att atc ctc ttt aca atc			2688
Thr Ile Gly Thr Ile Leu Ile Ser Tyr Thr Ile Ile Leu Phe Thr Ile	885	890	895
tta gaa aag aag tct atc aaa ggg ata cga aaa gct gtc tcc acc tgt			2736
Leu Glu Lys Lys Ser Ile Lys Gly Ile Arg Lys Ala Val Ser Thr Cys	900	905	910
ggg gct cat ctc tta tct gta tct tta tac tat ggc ccc ctc acc ttc			2784
Gly Ala His Leu Leu Ser Val Ser Leu Tyr Tyr Gly Pro Leu Thr Phe	915	920	925
aa tat ctg ggc tct gca tct ccg caa gca gat gac caa gat atg atg			2832
s Tyr Leu Gly Ser Ala Ser Pro Gln Ala Asp Asp Gln Asp Met Met	930	935	940
gag tct cta ttt tac act gtc ata gtt cct tta tta aat ccc atg atc			2880
Glu Ser Leu Phe Tyr Thr Val Ile Val Pro Leu Leu Asn Pro Met Ile	945	950	955
tac agc ctg aga aac aag caa ttc act cag ggt aca tcc aat gag gac			2928
Tyr Ser Leu Arg Asn Lys Gln Phe Thr Gln Gly Thr Ser Asn Glu Asp	965	970	975
atg gat gac gaa aat gca aca ttg ctg aca gag ttt gtt ctc aca gga			2976
Met Asp Asp Glu Asn Ala Thr Leu Thr Glu Phe Val Leu Thr Gly	980	985	990
ctt aca tat caa tca gag tgg aaa ata ccc ctg ttc ctg gca ttc ttg			3024
Leu Thr Tyr Gln Ser Glu Trp Lys Ile Pro Leu Phe Leu Ala Phe Leu	995	1000	1005
gta ata tat ctc atc acc atc atg gca aat ctt ggt ctg att gct			3069
Val Ile Tyr Leu Ile Thr Ile Met Ala Asn Leu Gly Leu Ile Ala	1010	1015	1020
c atc tgg aaa gac tca cac ctt cac att cca atg tac tta ttc			3114
Val Ile Trp Lys Asp Ser His Leu His Ile Pro Met Tyr Leu Phe	1025	1030	1035
ctt ggg agt tta gcc ttt gtg gat gct tgg tta tca tcc tca gtg			3159
Leu Gly Ser Leu Ala Phe Val Asp Ala Trp Leu Ser Ser Ser Val	1040	1045	1050
acc cct aag atg ctg atc agc ttt tta gct aag agt atg att att			3204
Thr Pro Lys Met Leu Ile Ser Phe Leu Ala Lys Ser Met Ile Ile	1055	1060	1065
tct gtc tct gaa tgc aag ata caa ttt ttt tcc ttt gga atc agt			3249
Ser Val Ser Glu Cys Lys Ile Gln Phe Phe Ser Phe Gly Ile Ser	1070	1075	1080
gga acc aca gaa tgt ttt ctc ttg gca aca atg gca tat gat cgc			3294
Gly Thr Thr Glu Cys Phe Leu Leu Ala Thr Met Ala Tyr Asp Arg	1085	1090	1095
tat gta gcc ata tgc aaa cct tta ctt tat cca gtc att atg acc			3339
Tyr Val Ala Ile Cys Lys Pro Leu Leu Tyr Pro Val Ile Met Thr			

05.10.04

XPS.ST25.txt

1100	1105	1110	
aat gga ctg tgt atc tgg cta tta gtc ttg tca ttt ata ggt ggc Asn Gly Leu Cys Ile Trp Leu Leu Val Leu Ser Phe Ile Gly Gly 1115 1120 1125			3384
ttt ctt cat gcc tta att cat gaa gaa gag aag cca gga atg gct Phe Leu His Ala Leu Ile His Glu Glu Glu Lys Pro Gly Met Ala 1130 1135 1140			3429
agg gaa aat cac tcc tta gca gct gaa ttc atc ctc ata gga ttt Arg Glu Asn His Ser Leu Ala Ala Glu Phe Ile Leu Ile Gly Phe 1145 1150 1155			3474
aca aat tat cca gag ctg aag acg ctt ctg ttt gtg gtg ttc tct Thr Asn Tyr Pro Glu Leu Lys Thr Leu Leu Phe Val Val Phe Ser 1160 1165 1170			3519
gcc atc tat ctg gtc acc atg gtg ggg aat ctt ggt ctg gtg gca Ala Ile Tyr Leu Val Thr Met Val Gly Asn Leu Gly Leu Val Ala 1175 1180 1185			3564
tta att tat gta gag cgt cgt ctt ctc aca cca atg tac atc ttt Leu Ile Tyr Val Glu Arg Arg Leu Leu Thr Pro Met Tyr Ile Phe 1190 1195 1200			3609
ctg ggc aac ctg gct ctg atg gat tcc tgc tgt tcc tgt gct gtt Leu Gly Asn Leu Ala Leu Met Asp Ser Cys Cys Ser Cys Ala Val 1205 1210 1215			3654
acc ccc aag atg tta gag aat ttc ttt tct gag gat aga att att Thr Pro Lys Met Leu Glu Asn Phe Phe Ser Glu Asp Arg Ile Ile 1220 1225			3699
tcc ctg tat gaa tgt atg gca caa ttt tat ttt ctc tgt ctt gct Ser Leu Tyr Glu Cys Met Ala Gln Phe Tyr Phe Leu Cys Leu Ala 1235 1240 1245			3744
gaa acc aca gac tgc ttt ctt ctg gcg aca atg gcc tat gac cgc Glu Thr Thr Asp Cys Phe Leu Leu Ala Thr Met Ala Tyr Asp Arg 1250 1255 1260			3789
tat gtg gcc ata tgc cac cca ctg cag tac cac acc atg atg tcc Tyr Val Ala Ile Cys His Pro Leu Gln Tyr His Thr Met Met Ser 1265 1270 1275			3834
g acg ctc tgc att cgg atg acc aca ggg gcc ttc aaa gct gga Cys Thr Leu Cys Ile Arg Met Thr Thr Gly Ala Phe Lys Ala Gly 1280 1285 1290			3879
aac ctg cat tcc atg att cat gta ggg ctt tta tta agg tta act Asn Leu His Ser Met Ile His Val Gly Leu Leu Leu Arg Leu Thr 1295 1300 1305			3924
ttc tgc agg tct aat aaa att cac cac ttt ttc tgt gat att ctt Phe Cys Arg Ser Asn Lys Ile His His Phe Phe Cys Asp Ile Leu 1310 1315 1320			3969
cca ctg tat aga ctc tcc tgt aca gat cct tct att aat gaa cta Pro Leu Tyr Arg Leu Ser Cys Thr Asp Pro Ser Ile Asn Glu Leu 1325 1330 1335			4014
atg ata tat atc ttt tca ata cca att caa atc ttt acc att gct Met Ile Tyr Ile Phe Ser Ile Pro Ile Gln Ile Phe Thr Ile Ala 1340 1345 1350			4059
act gtc ttg atc tct tat ctc tgc atc ctt ttg act gtt ttc aaa Thr Val Leu Ile Ser Tyr Leu Cys Ile Leu Leu Thr Val Phe Lys 1355 1360 1365			4104

05.10.04

XPs.ST25.txt

1355	1360	1365	
atg aaa tcc aag gag gga aga gac tgc ttt ctt ctg gcg gca atg			4149
Met Lys Ser Lys Glu Gly Arg Asp Cys Phe Leu Leu Ala Ala Met			
1370	1375	1380	
gcc tat gac tgc tat gtg gcc ata tgc aac cca ctg cag tac cac			4194
Ala Tyr Asp Cys Tyr Val Ala Ile Cys Asn Pro Leu Gln Tyr His			
1385	1390	1395	
acc atg atg tcc aag aca ctc tgc att cag atg act gca gga gcc			4239
Thr Met Met Ser Lys Thr Leu Cys Ile Gln Met Thr Ala Gly Ala			
1400	1405	1410	
tac cta gct ggc aac ctg cat ccc atg att gaa gta gag ttt ctg			4284
Tyr Leu Ala Gly Asn Leu His Pro Met Ile Glu Val Glu Phe Leu			
1415	1420	1425	
ttg agg tta act ttc tgc ctt ggt cag caa aag cga gga tat ggg			4329
Leu Arg Leu Thr Phe Cys Leu Gly Gln Gln Lys Arg Gly Tyr Gly			
1430	1435	1440	
aag cag cac aga cag gga gtt ggt gga cca cct gaa ggt cct ctg			4374
Lys Gln His Arg Gln Gly Val Gly Gly Pro Pro Glu Gly Pro Leu			
1445	1450	1455	
gaa caa aac caa aca caa cat gaa gtt ccc ttc gga cag cac aag			4419
Glu Gln Asn Gln Thr Gln His Glu Val Pro Phe Gly Gln His Lys			
1460	1465	1470	
ctc caa gct aaa aga gaa aat tca ctt gat tac agg tct tcc acc			4464
Leu Gln Ala Lys Arg Glu Asn Ser Leu Asp Tyr Arg Ser Ser Thr			
1475	1480	1485	
tgc cat gca gaa agt cat gtg taa			4488
Cys His Ala Glu Ser His Val			
1490	1495		

<210> 296
 <211> 1495
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 296

t Glu Glu Glu Asn Ala Thr Leu Leu Thr Glu Phe Val Leu Thr Gly
 5 10 15

Phe Leu Tyr Gln Pro Gln Trp Lys Ile Pro Leu Phe Leu Ala Phe Leu
 20 25 30

Val Ile Tyr Leu Ile Thr Ile Met Gly Asn Leu Gly Leu Ile Ala Val
 35 40 45

Ile Trp Lys Asp Pro His Leu His Ile Pro Met Tyr Leu Leu Leu Gly
 50 55 60

Asn Leu Ala Phe Val Asp Ala Trp Ile Ser Ser Thr Val Thr Pro Lys
 65 70 75 80

Met Leu Asn Asn Phe Leu Ala Lys Ser Lys Met Ile Ser Leu Ser Glu
 85 90 95

05.10.04

XPs.ST25.txt

Cys Lys Ile Gln Phe Phe Ser Ile Ala Ile Gly Val Thr Thr Glu Cys
100 105 110

Phe Leu Leu Ala Thr Met Ala Tyr Asp Arg Tyr Val Ala Ile Cys Lys
115 120 125

Pro Leu Leu Tyr Pro Ala Ile Met Thr Asn Gly Leu Cys Ile Arg Leu
130 135 140

Leu Ile Leu Ser Tyr Ile Ala Gly Ile Leu His Ala Leu Ile His Glu
145 150 155 160

Gly Phe Leu Phe Arg Leu Thr Phe Cys Asn Ser Asn Ile Val His His
165 170 175

Ile Tyr Cys Asp Thr Ile Pro Leu Ser Lys Ile Ser Cys Thr Asp Ser
180 185 190

Ser Ile Asn Phe Leu Met Val Phe Ile Phe Ser Gly Ser Ile Gln Val
195 200 205

Phe Ser Ile Val Thr Ile Leu Ile Ser Tyr Thr Phe Val Leu Phe Thr
210 215 220

Val Leu Glu Lys Lys Ser Asp Lys Gly Arg Thr Cys Ser Glu Asp Met
225 230 235 240

Glu Glu Glu Asn Ala Thr Leu Leu Thr Glu Phe Val Leu Thr Gly Leu
245 250 255

Leu Tyr Gln Pro Gln Trp Lys Ile Pro Leu Phe Leu Thr Phe Leu Val
260 265 270

Ile Tyr Leu Ile Thr Ile Met Gly Asn Leu Gly Leu Ile Ala Val Ile
275 280 285

Trp Lys Asp Pro His Leu Gln Ile Pro Met Tyr Leu Leu Leu Gly Asn
290 295 300

Leu Ala Phe Val Asp Ala Trp Ile Ser Ser Thr Val Thr Pro Lys Met
305 310 315 320

Leu Asn Asn Phe Leu Ala Lys Ser Lys Met Val Ser Leu Pro Glu Ser
325 330 335

Lys Ile Gln Phe Phe Ser Phe Ala Ile Ser Val Thr Thr Glu Cys Phe
340 345 350

Leu Leu Ala Thr Met Ala Tyr Asp Arg Tyr Val Ala Ile Cys Lys Pro
355 360 365

05.10.04

xPs.ST25.txt

Leu Leu Tyr Pro Ala Ile Met Thr Asn Gly Leu Cys Ile Arg Leu Cys
370 375 380

Ser Ile Gln Val Phe Thr Ile Gly Thr Gly Leu Ile Ser Tyr Thr Phe
385 390 395 400

Val Leu Phe Thr Ile Leu Lys Lys Lys Ser Val Lys Gly Ile Arg Lys
405 410 415

Ala Phe Ser Thr Cys Gly Ala His Leu Leu Ser Val Ser Leu Tyr His
420 425 430

Gly Pro Leu Asp Phe Met Tyr Met Gly Ser Ala Ser Pro Gln Ala Asp
435 440 445

Asp Glu Asp Met Met Glu Ser Leu Phe Tyr Thr Val Ile Val Pro Leu
450 455 460

Leu Asn Pro Met Thr Tyr Ser Leu Arg Asn Lys Gln Arg Thr Cys Ser
465 470 475 480

Asp Asp Met Glu Glu Glu Asn Ala Thr Leu Leu Thr Glu Phe Val Leu
485 490 495

Thr Gly Phe Leu Cys Gln Gln Gly Phe Leu Trp Glu Ile Pro Leu Phe
500 505 510

Leu Ala Phe Leu Val Ile Asp Leu Ile Thr Ile Met Gly Asn Leu Gly
515 520 525

Leu Ile Phe Leu Ile Trp Lys Asp Pro His Leu His Ile Ser Met Tyr
530 535 540

Leu Phe Leu Gly Ser Leu Ala Phe Val Asp Thr Trp Leu Ser Ser Thr
545 550 555 560

Val Thr Pro Lys Met Leu Ile Asn Phe Leu Ala Lys Asn Ser Ile Gln
565 570 575

Val Phe Thr Ile Gly Thr Ile Leu Ile Ser Tyr Thr Leu Val Leu Leu
580 585 590

Ile Ile Leu Lys Asn Lys Ser Val Lys Gly Ile Gln Lys Ala Val Ser
595 600 605

Thr Cys Gly Ala His Leu Leu Ser Val Ser Leu Tyr Tyr Gly Pro Leu
610 615 620

Val Phe Met Tyr Val Gly Ser Ala Ser Pro Gln Ala Asp Asp Gln Asp
625 630 635 640

08.10.04

XPs.ST25.txt

Met Met Glu Ser Leu Phe Tyr Thr Val Ile Val Pro Leu Leu Asn Ser
645 650 655

Met Ile Tyr Ser Leu Arg Asn Lys Gln Arg Thr Cys Ser Glu Glu Met
660 665 670

Glu Glu Glu Asn Ala Thr Leu Leu Thr Glu Phe Val Leu Thr Gly Phe
675 680 685

Leu His Gln Pro Asp Cys Lys Ile Pro Leu Phe Leu Ala Phe Leu Val
690 695 700

Ile Tyr Leu Ile Thr Ile Met Gly Asn Leu Gly Leu Ile Val Leu Ile
705 710 715 720

Pro Lys Asp Pro His Leu His Ile Pro Met Tyr Leu Phe Leu Gly Ser
725 730 735

Leu Ala Phe Val Asp Ala Ser Leu Ser Ser Thr Val Thr Pro Lys Met
740 745 750

Leu Ile Asn Phe Leu Ala Lys Ser Lys Met Ile Ser Leu Ser Glu Cys
755 760 765

Met Val Gln Phe Phe Ser Leu Val Thr Thr Val Thr Thr Glu Cys Phe
770 775 780

Leu Leu Ala Thr Met Ala Tyr Asp Arg Tyr Val Ala Ile Cys Lys Ala
785 790 795 800

Leu Leu Tyr Pro Val Ile Met Thr Asn Glu Leu Cys Ile Gln Leu Leu
805 810 815

Leu Ser Phe Ile Gly Gly Leu Leu His Ala Leu Ile His Glu Ala
820 825 830

Phe Ser Phe Arg Leu Thr Phe Cys Asn Ser Asn Ile Ile Gln His Phe
835 840 845

Tyr Cys Asp Ile Ile Pro Leu Leu Lys Ile Ser Cys Thr Asp Ser Ser
850 855 860

Ile Asn Phe Leu Met Val Phe Ile Phe Ala Gly Ser Val Gln Val Phe
865 870 875 880

Thr Ile Gly Thr Ile Leu Ile Ser Tyr Thr Ile Ile Leu Phe Thr Ile
885 890 895

Leu Glu Lys Lys Ser Ile Lys Gly Ile Arg Lys Ala Val Ser Thr Cys
900 905 910

05.10.04

XP.s.ST25.txt

Gly Ala His Leu Leu Ser Val Ser Leu Tyr Tyr Gly Pro Leu Thr Phe
915 920 925

Lys Tyr Leu Gly Ser Ala Ser Pro Gln Ala Asp Asp Gln Asp Met Met
930 935 940

Glu Ser Leu Phe Tyr Thr Val Ile Val Pro Leu Leu Asn Pro Met Ile
945 950 955 960

Tyr Ser Leu Arg Asn Lys Gln Phe Thr Gln Gly Thr Ser Asn Glu Asp
965 970 975

Met Asp Asp Glu Asn Ala Thr Leu Leu Thr Glu Phe Val Leu Thr Gly
980 985 990

Leu Thr Tyr Gln Ser Glu Trp Lys Ile Pro Leu Phe Leu Ala Phe Leu
995 1000 1005

Val Ile Tyr Leu Ile Thr Ile Met Ala Asn Leu Gly Leu Ile Ala
1010 1015 1020

Val Ile Trp Lys Asp Ser His Leu His Ile Pro Met Tyr Leu Phe
1025 1030 1035

Leu Gly Ser Leu Ala Phe Val Asp Ala Trp Leu Ser Ser Ser Val
1040 1045 1050

Thr Pro Lys Met Leu Ile Ser Phe Leu Ala Lys Ser Met Ile Ile
1055 1060 1065

Ser Val Ser Glu Cys Lys Ile Gln Phe Phe Ser Phe Gly Ile Ser
1070 1075 1080

Thr Thr Glu Cys Phe Leu Leu Ala Thr Met Ala Tyr Asp Arg
1085 1090 1095

Tyr Val Ala Ile Cys Lys Pro Leu Leu Tyr Pro Val Ile Met Thr
1100 1105 1110

Asn Gly Leu Cys Ile Trp Leu Leu Val Leu Ser Phe Ile Gly Gly
1115 1120 1125

Phe Leu His Ala Leu Ile His Glu Glu Glu Lys Pro Gly Met Ala
1130 1135 1140

Arg Glu Asn His Ser Leu Ala Ala Glu Phe Ile Leu Ile Gly Phe
1145 1150 1155

Thr Asn Tyr Pro Glu Leu Lys Thr Leu Leu Phe Val Val Phe Ser
1160 1165 1170

05.10.04

XPs.ST25.txt

Ala Ile Tyr Leu Val Thr Met Val Gly Asn Leu Gly Leu Val Ala
1175 1180 1185

Leu Ile Tyr Val Glu Arg Arg Leu Leu Thr Pro Met Tyr Ile Phe
1190 1195 1200

Leu Gly Asn Leu Ala Leu Met Asp Ser Cys Cys Ser Cys Ala Val
1205 1210 1215

Thr Pro Lys Met Leu Glu Asn Phe Phe Ser Glu Asp Arg Ile Ile
1220 1225 1230

Ser Leu Tyr Glu Cys Met Ala Gln Phe Tyr Phe Leu Cys Leu Ala
1235 1240 1245

Ile Thr Thr Asp Cys Phe Leu Leu Ala Thr Met Ala Tyr Asp Arg
1250 1255 1260

Tyr Val Ala Ile Cys His Pro Leu Gln Tyr His Thr Met Met Ser
1265 1270 1275

Lys Thr Leu Cys Ile Arg Met Thr Thr Gly Ala Phe Lys Ala Gly
1280 1285 1290

Asn Leu His Ser Met Ile His Val Gly Leu Leu Leu Arg Leu Thr
1295 1300 1305

Phe Cys Arg Ser Asn Lys Ile His His Phe Phe Cys Asp Ile Leu
1310 1315 1320

Pro Leu Tyr Arg Leu Ser Cys Thr Asp Pro Ser Ile Asn Glu Leu
1325 1330 1335

Ile Tyr Ile Phe Ser Ile Pro Ile Gln Ile Phe Thr Ile Ala
1340 1345 1350

Thr Val Leu Ile Ser Tyr Leu Cys Ile Leu Leu Thr Val Phe Lys
1355 1360 1365

Met Lys Ser Lys Glu Gly Arg Asp Cys Phe Leu Leu Ala Ala Met
1370 1375 1380

Ala Tyr Asp Cys Tyr Val Ala Ile Cys Asn Pro Leu Gln Tyr His
1385 1390 1395

Thr Met Met Ser Lys Thr Leu Cys Ile Gln Met Thr Ala Gly Ala
1400 1405 1410

Tyr Leu Ala Gly Asn Leu His Pro Met Ile Glu Val Glu Phe Leu
1415 1420 1425

05.10.04

XP.S.T25.txt

Leu Arg Leu Thr Phe Cys Leu Gly Gln Gln Lys Arg Gly Tyr Gly
1430 1435 1440
Lys Gln His Arg Gln Gly Val Gly Gly Pro Pro Glu Gly Pro Leu
1445 1450 1455
Glu Gln Asn Gln Thr Gln His Glu Val Pro Phe Gly Gln His Lys
1460 1465 1470
Leu Gln Ala Lys Arg Glu Asn Ser Leu Asp Tyr Arg Ser Ser Thr
1475 1480 1485
Cys His Ala Glu Ser His Val
1490 1495

<210> 297
<211> 1024
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (136)..(624)
<223>

<400> 297
gagcgccagg ggttccagct gcacgtccca ggctctccag cgcgcggcag gccggggcgg 60
gacgaggaga gctgcgggga caacgcctgt ggctgggtcc ggaggtgcgg gtgcggcgcg 120
ggacaagcgg gcagc atg ctc agg gcg gtc ggg agc cta ctg cgc ctt ggc 171
Met Leu Arg Ala Val Gly Ser Leu Leu Arg Leu Gly
1 5 10
cgc ggg cta aca gtc cgc tgc ggc ccc ggg gcg cct ctc gag gcc acg 219
Arg Gly Leu Thr Val Arg Cys Gly Pro Gly Ala Pro Leu Glu Ala Thr
15 20 25
gag cgg ccc gca ccg gct ctt ccg ccc cgg ggt ctc ccc tgc tac tcc 267
g Arg Pro Ala Pro Ala Leu Pro Pro Arg Gly Leu Pro Cys Tyr Ser
30 35 40
agc ggc ggg gcc ccc agc aat tct ggg ccc caa ggt cac ggg gag att 315
Ser Gly Gly Ala Pro Ser Asn Ser Gly Pro Gln Gly His Gly Glu Ile
45 50 55 60
cac cga gtc ccc acg cag cgc agg cct tcg cag ttc gac aag aaa atc 363
His Arg Val Pro Thr Gln Arg Arg Pro Ser Gln Phe Asp Lys Lys Ile
65 70 75
ctg ctg tgg aca ggg cgt ttc aaa tcg atg gag gag atc ccg cct cgg 411
Leu Leu Trp Thr Gly Arg Phe Lys Ser Met Glu Glu Ile Pro Pro Arg
80 85 90
atc ccg cca gaa atg ata gac acc gca aga aac aaa gct cga gtg aaa 459
Ile Pro Pro Glu Met Ile Asp Thr Ala Arg Asn Lys Ala Arg Val Lys
95 100 105
gct tgt tac ata atg att gga ctc aca att atc gcc tgc ttt gct gtg 507
Ala Cys Tyr Ile Met Ile Gly Leu Thr Ile Ile Ala Cys Phe Ala Val
110 115 120

05.10.04

XP.S.T25.txt

ata gtg tca gcc aaa agg gct gta gaa cga cat gaa tcc tta aca agt 555
 ile Val Ser Ala Lys Arg Ala Val Glu Arg His Glu Ser Leu Thr Ser 140
 125 130 135
 tgg aac ttg gca aag aaa gct aag tgg cgt gaa gaa gct gca ttg gct 603
 Trp Asn Leu Ala Lys Lys Ala Lys Trp Arg Glu Glu Ala Ala Leu Ala 155
 145 150
 gca cag gct aaa gct aaa tga tattctaagt gacaaagtgt tcacctgaat 654
 Ala Gln Ala Lys Ala Lys 160
 accatccctg tcatcagcaa cagtagaaga tgggaaaaat agaataattta ccaaaatatac 714
 tgccatgggt ttatttttgt aacaagaagc acaatgtctt ttttattttt attttttagt 774
 aaacttttac tgaagtatac catgcattca aaaagtggac aaaactgtat acagtctgat 834
 agatatttat gtcgtgaaca cctgtgtaac cactgccaaa gtgaagatgt agaataattgg 894
 caacacttca cagcctcatt cctgcctttt ctgagccatt acctcccaa catagcagtt 954
 tctgagtt tcatcacctt tgattcattt tgcctgtttt tgaactttat ataaatggat 1014
 ttatacatta 1024

<210> 298
 <211> 162
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 298

Met Leu Arg Ala Val Gly Ser Leu Leu Arg Leu Gly Arg Gly Leu Thr
 1 5 10 15

Val Arg Cys Gly Pro Gly Ala Pro Leu Glu Ala Thr Arg Arg Pro Ala
 20 25 30

Pro Ala Leu Pro Pro Arg Gly Leu Pro Cys Tyr Ser Ser Gly Gly Ala
 35 40 45

Pro Ser Asn Ser Gly Pro Gln Gly His Gly Glu Ile His Arg Val Pro
 50 55 60

Thr Gln Arg Arg Pro Ser Gln Phe Asp Lys Lys Ile Leu Leu Trp Thr
 65 70 75 80

Gly Arg Phe Lys Ser Met Glu Glu Ile Pro Pro Arg Ile Pro Pro Glu
 85 90 95

Met Ile Asp Thr Ala Arg Asn Lys Ala Arg Val Lys Ala Cys Tyr Ile
 100 105 110

Met Ile Gly Leu Thr Ile Ile Ala Cys Phe Ala Val Ile Val Ser Ala
 115 120 125

Lys Arg Ala Val Glu Arg His Glu Ser Leu Thr Ser Trp Asn Leu Ala
 Seite 444

05.10.04

XPs.ST25.txt
140

130

135

Lys Lys Ala Lys Trp Arg Glu Glu Ala Ala Leu Ala Ala Gln Ala Lys
 145 150 155 160

Ala Lys

<210> 299
 <211> 852
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (483)..(815)
 <223>

<400> 299
 tagggcgag tttaaggcac tgtggcagct gtgagataaa gtctggttcc tccccagctg 60
 tcaggaaa tgttcgcgga tacaacggcg gccccctctg ggcatacctg cctgtggagc 120
 ggagagtgga cgggtgtgagg gggaccggga gaggcaccaa atctggcctg ggggcccag 180
 aagcttcctc tcagtgaacca caatatgaat gggaacagca agatggcaaa agcttgctga 240
 gtggtacagc gccagcctgg gtagtggcct ccccagcaag ttgcatgtca ctagcttcct 300
 gtggctgtca ctctggggcc caggcacctc cgaagatcag cacctcctca tgggctcaag 360
 cgaggacaag agcccgtcac ccatgagctc tcaagggcag agccactgtc ctgtctcgat 420
 ggctccaccg tgactccagt ggactttgga cagtggggag caggcccaac agggccactc 480
 gg atg tgg tca ctc tgg att tgg gtg gat cag cac caa gct aga ctc 527
 Met Trp Ser Leu Trp Ile Trp Val Asp Gln His Gln Ala Arg Leu 15
 1 5 10
 atc ccc agc ccc cag gtg ctg ttg ctg ctc ctg cgt gag gcc cca tcc 575
 Ile Pro Ser Pro Gln Val Leu Leu Leu Leu Leu Arg Glu Ala Pro Ser 30
 20 25 30
 a gct gca gct gtg gca ggg tgg cta gtg gtg gcc agc atg gcc ctg 623
 Trp Ala Ala Ala Val Ala Gly Trp Leu Val Val Ala Ser Met Ala Leu 40 45
 35
 ctg cag ctc cac gct gtg ggg ggc gtg gcc ctg acc agc agc cac ccc 671
 Leu Gln Leu His Ala Val Gly Gly Val Ala Leu Thr Ser Ser His Pro 55 60
 50
 tcc atg tgg gcc aca ggg gag gag ctt agg aag ccg cct tgg caa ggt 719
 Ser Met Trp Ala Thr Gly Glu Glu Leu Arg Lys Pro Pro Trp Gln Gly 65 70 75
 65
 tcc gca ggc tct gcg tct ggt gtg gaa gag ctc acg ggg aag cac tcc 767
 Ser Ala Gly Ser Ala Ser Gly Val Glu Glu Leu Thr Gly Lys His Ser 80 85 90 95
 80
 tgc cca gga ccc gag gag ccg gcc acc gtt cag aag gcc cca gct tga 815
 Cys Pro Gly Pro Glu Glu Pro Ala Thr Val Gln Lys Ala Pro Ala 100 105 110
 100
 aggcctggag agccgcccag cagcacaaca cagggaa 852

seite 445

05.10.04

XPs.ST25.txt

<210> 300
<211> 110
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 300

Met Trp Ser Leu Trp Ile Trp Val Asp Gln His Gln Ala Arg Leu Ile
1 5 10 15

Pro Ser Pro Gln Val Leu Leu Leu Leu Arg Glu Ala Pro Ser Thr
20 25 30

Ala Ala Ala Val Ala Gly Trp Leu Val Val Ala Ser Met Ala Leu Leu
35 40 45

Gln Leu His Ala Val Gly Gly Val Ala Leu Thr Ser Ser His Pro Ser
50 55 60

Trp Ala Thr Gly Glu Glu Leu Arg Lys Pro Pro Trp Gln Gly Ser
65 70 75 80

Ala Gly Ser Ala Ser Gly Val Glu Glu Leu Thr Gly Lys His Ser Cys
85 90 95

Pro Gly Pro Glu Glu Pro Ala Thr Val Gln Lys Ala Pro Ala
100 105 110

<210> 301
<211> 4231
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (249)..(1328)
<223>

<400> 301
ctggccgcct ttgcaagggt gctggacaga tggaactgga agggcagccg tctgcccgcc 60
acgaacacct tctcaagcac tttgagtgc cacggcttgc aagctggttg ctggcccccc 120
gagtcccggg ctctgaggca cggccgtcga cttaagcggt gcacacctgtt acctggagac 180
cctctgagct ctcacctgct acttctgccg ctgcttctgc acagagcccg ggcgaggacc 240
cctccagg atg cag gtc ccg aac agc acc ggc ccg gac aac gcg acg ctg 290
Met Gln Val Pro Asn Ser Thr Gly Pro Asp Asn Ala Thr Leu
1 5 10
cag atg ctg cgg aac ccg gcg atc gcg gtg gcc ctg ccc gtg gtg tac 338
Gln Met Leu Arg Asn Pro Ala Ile Ala Val Ala Leu Pro Val Val Tyr
15 20 25 30
tcg ctg gtg gcg gcg gtc agc atc ccg ggc aac ctc ttc tct ctg tgg 386
Ser Leu Val Ala Ala Val Ser Ile Pro Gly Asn Leu Phe Ser Leu Trp
35 40 45
gtg ctg tgc cgg cgc atg ggg ccc aga tcc ccg tcg gtc atc ttc atg 434

05.10.04

XP.S.T25.txt

Val	Leu	Cys	Arg	Arg	Met	Gly	Pro	Arg	Ser	Pro	Ser	Val	Ile	Phe	Met		
			50					55					60				
atc	aac	ctg	agc	gtc	acg	gac	ctg	atg	ctg	gcc	agc	gtg	ttg	cct	ttc	482	
Ile	Asn	Leu	Ser	Val	Thr	Asp	Leu	Met	Leu	Ala	Ser	Val	Leu	Pro	Phe		
		65					70					75					
caa	atc	tac	tac	cat	tgc	aac	cgc	cac	cac	tgg	gta	ttc	ggg	gtg	ctg	530	
Gln	Ile	Tyr	Tyr	His	Cys	Asn	Arg	His	His	Trp	Val	Phe	Gly	Val	Leu		
		80				85					90						
ctt	tgc	aac	gtg	gtg	acc	gtg	gcc	ttt	tac	gca	aac	atg	tat	tcc	agc	578	
Leu	Cys	Asn	Val	Val	Thr	Val	Ala	Phe	Tyr	Ala	Asn	Met	Tyr	Ser	Ser		
		95			100					105					110		
atc	ctc	acc	atg	acc	tgt	atc	agc	gtg	gag	cgc	ttc	ctg	ggg	gtc	ctg	626	
Ile	Leu	Thr	Met	Thr	Cys	Ile	Ser	Val	Glu	Arg	Phe	Leu	Gly	Val	Leu		
				115					120					125			
tac	ccg	ctc	agc	tcc	aag	cgc	tgg	cgc	cgc	cgt	cgt	tac	gcg	gtg	gcc	674	
Tyr	Pro	Leu	Ser	Ser	Lys	Arg	Trp	Arg	Arg	Arg	Arg	Tyr	Ala	Val	Ala		
				130				135					140				
tgt	gca	ggg	acc	tgg	ctg	ctg	ctc	ctg	acc	gcc	ctg	tcc	ccg	ctg		722	
Val	Cys	Ala	Gly	Thr	Trp	Leu	Leu	Leu	Thr	Ala	Leu	Ser	Pro	Leu			
		145				150					155						
gcg	cgc	acc	gat	ctc	acc	tac	ccg	gtg	cac	gcc	ctg	ggc	atc	atc	acc	770	
Ala	Arg	Thr	Asp	Leu	Thr	Tyr	Pro	Val	His	Ala	Leu	Gly	Ile	Ile	Thr		
		160				165					170						
tgc	ttc	gac	gtc	ctc	aag	tgg	acg	atg	ctc	ccc	agc	gtg	gcc	atg	tgg	818	
Cys	Phe	Asp	Val	Leu	Lys	Trp	Thr	Met	Leu	Pro	Ser	Val	Ala	Met	Trp		
		175			180					185					190		
gcc	gtg	ttc	ctc	ttc	acc	atc	ttc	atc	ctg	ctg	ttc	ctc	atc	ccg	ttc	866	
Ala	Val	Phe	Leu	Phe	Thr	Ile	Phe	Ile	Leu	Leu	Phe	Leu	Ile	Pro	Phe		
				195					200					205			
gtg	atc	acc	gtg	gct	tgt	tac	acg	gcc	acc	atc	ctc	aag	ctg	ttg	cgc	914	
Val	Ile	Thr	Val	Ala	Cys	Tyr	Thr	Ala	Thr	Ile	Leu	Lys	Leu	Leu	Arg		
			210					215					220				
acg	gag	gag	gcg	cac	ggc	cgg	gag	cag	cgg	agg	cgc	gcg	gtg	ggc	ctg	962	
Thr	Glu	Glu	Ala	His	Gly	Arg	Glu	Gln	Arg	Arg	Arg	Ala	Val	Gly	Leu		
		225					230					235					
acc	gcg	gtg	gtc	ttg	ctg	gcc	ttt	gtc	acc	tgc	ttc	gcc	ccc	aac	aac	1010	
Ala	Ala	Val	Val	Leu	Leu	Ala	Phe	Val	Thr	Cys	Phe	Ala	Pro	Asn	Asn		
		240				245					250						
ttc	gtg	ctc	ctg	gcg	cac	atc	gtg	agc	cgc	ctg	ttc	tac	ggc	aag	agc	1058	
Phe	Val	Leu	Leu	Ala	His	Ile	Val	Ser	Arg	Leu	Phe	Tyr	Gly	Lys	Ser		
				260						265					270		
tac	tac	cac	gtg	tac	aag	ctc	acg	ctg	tgt	ctc	agc	tgc	ctc	aac	aac	1106	
Tyr	Tyr	His	Val	Tyr	Lys	Leu	Thr	Leu	Cys	Leu	Ser	Cys	Leu	Asn	Asn		
				275					280					285			
tgt	ctg	gac	ccg	ttt	gtt	tat	tac	ttt	gcg	tcc	cgg	gaa	ttc	cag	ctg	1154	
Cys	Leu	Asp	Pro	Phe	Val	Tyr	Tyr	Phe	Ala	Ser	Arg	Glu	Phe	Gln	Leu		
			290					295					300				
cgc	ctg	cgg	gaa	tat	ttg	ggc	tgc	cgc	cgg	gtg	ccc	aga	gac	acc	ctg	1202	
Arg	Leu	Arg	Glu	Tyr	Leu	Gly	Cys	Arg	Arg	Val	Pro	Arg	Asp	Thr	Leu		
			305			310						315					
gac	acg	cgc	cgc	gag	agc	ctc	ttc	tcc	gcc	agg	acc	acg	tcc	gtg	cgc	1250	

05.10.04

XPs.ST25.txt

Asp Thr Arg Arg Glu Ser Leu Phe Ser Ala Arg Thr Thr Ser Val Arg
320 325 330

tcc gag gcc ggt gcg cac cct gaa ggg atg gag gga gcc acc agg ccc 1298
Ser Glu Ala Gly Ala His Pro Glu Gly Met Glu Gly Ala Thr Arg Pro 350
335 340 345

ggc ctc cag agg cag gag agt gtg ttc tga gtccccggggg cgcagcttgg 1348
Gly Leu Gln Arg Gln Glu Ser Val Phe 355

agagccggggg gcgcagcttg gagatccagg ggcgcattgga gaggccacgg tgccagaggt 1408

tcaggagagaa cagctgcgtt gctcccaggc actgcagagg cccgggtgggg aagggtctcc 1468

aggctttatt cctcccaggc actgcagagg caccgggtgag gaagggtctc caggcttcac 1528

tcagggtaga gaaacaagca aagcccagca gcgcacaggg tgcttgttat cctgcagagg 1588

gtgcctctgc ctctctgtgt caggggacag cttgtgtcac cacgcccggc taatttttgt 1648

atttttttta gtagagctgg gctgtcacc cagagctcct tagacactcc tcacacctgt 1708

atacccga ggggtggatat tcaaccagcc ccaccgccta cccgactcgg tttctggata 1768

ctctccgtgg gcgaactgcg agccccattc ccagctcttc tccttctga catcgtccct 1828

tagttgtggt tctggccttc tccattctcc tccaggggtt ctggtctccg tagcccggtg 1888

cacgccgaaa tttctgttta tttcactcag gggcactgtg gttgctgtgg ttggaattct 1948

tctttcagag gagcgcttgg ggctcctgca agtcagctac tctccgtgcc cacttcccc 2008

cacacacaca cccaccctg ttgctgacca aggtgatttt tggcacattt gttctggcct 2068

ggcttggtgg gacccacccc ctattctgct tctgtgagtc cctgatagag aaggagggtcc 2128

catcaggccc ctggaacaca ctcaggcttc cctgactcag gacaaggacc acgggaggcc 2188

cagggtgcgga aaggaggctc cgtgagatgg ggtccagccc atcccaacac aagggtgcag 2248

cttgattcgg gagttcccca cctcctgccc attctccgcg tccttttacc ccatggagag 2308

cctcagccat ggcaagtcca tctggagtcc aggaagcagg caactggcct gacctatgag 2368

cggtttgga gaccaagcag cagatgcagg tgtggacccc aggaacctac aggggtgtca 2428

cgctgagc cccctccctg ctgtgtgggt ggtgagcagg ctgggtcttt gtctgtcttc 2488

ttctacacgg catgtgcctg caccagcccc aacacctgag ctggtttagc gcaaagaaga 2548

gctctgactc tccaggggtg ctgggacatc acgtggaatt ggatcccagg ctctcttggg 2608

cgagaaagac cattctggag gtgggagtgg gagagctgcc tgtctgcca cgggctctgc 2668

gtctccgcag tgggtggcct tggatgccc gcccctcct ttctgtgcac tggggacgct 2728

gatggaggct gaagctgctg ttcggaggcc ctctattggt gcctctctcc tgccgtcatc 2788

actatggcag gaaaacagag atggtttagt aatgaattat cattcccaa cccgtgtcca 2848

cctggaacat caggatggga ccatgtttga aaatcgggtc tttccaaatg taattaagta 2908

aggcgaggcc atactgcatt tacaatggg ccaatccagt gtccctatga gagacggaag 2968

aggagacaca gacacaaagc aggaggccac ataaagacag aggcagagac tgaagtgatg 3028

ctgccccaaag cccagggatg cctggagtcc ccaggagctg ggagaggcag gaaggaccct 3088

05.10.04

XPs.ST25.txt

```

cccctagagt ctctggaggg aactggatac aattgcagag tgcactaaac agttgccccca 3148
gaaagacatg tcttgtttta aagcccagaa cctgaaatta ttatagattt tattcggtta 3208
taaggaactt tgcattgtta attacttaag gatatgaaga tgagattgtg ctggattatt 3268
aagcacccta aatgccatga cagggtgtcct tccaagagac agaagaggag acacagacac 3328
agagcaggag gacacgtgga gacagaggca gactggagtg atgcggccac aagcccaggg 3388
acacctggag cccccaggag ctgggagagg caggaaggat cctcccctag agcctccagg 3448
gggaactgga ggatgcgtaa gagacccaga acttccacag aaggaggaaa attaactcc 3508
tgcttctcta gactgttcca aagctgaacc ctagaaagca aagctgatac agaagcatcc 3568
aggctgcagg agtacaggtc gcaagtgtg agcgtgggccc ttgggtgtgt ctcatggggg 3628
aaaaaaaaact gtgaaaaacc tcagagtagc atcttcacag taacgcacgg acgatcccta 3688
aactgccttg taaacaaaaa tgagagcttg agtcagagga agccgagaca atatccttcc 3748
gacaacgt gcgagaaccc tgacgtcccc cagcaaagga agacgttgca agcaggcaaa 3808
cgcgctgat tttttttttt tgtcagtatg atgatttttg cagccacttg gctatggaga 3868
gcagccgaca cccctcttta cagccgtgga tgtttccttg aagctgactc agtctgttca 3928
ctggttgagc tttgagtga aagataacac aggtctattg actcacacac atgttttaag 3988
atggaaaact ttacttctgt tcttggcagg acatggagag agggagggat tccaaaaagt 4048
ctcagcctcc atcaaggcgt ggcagctcat gccggtaatc tcagcacttt gggaggctca 4108
ggcgggagga ctgattgagt ccgggtgttc aagggccaac ctaggcaaca cagtgagaac 4168
tcattctctgt aaaaaataaa aataaaacat taaaaaaaaa catgagcttt gaagtgcaca 4228
ggg 4231

```

```

<210> 302
<211> 359
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<214> 302

```

```

Met Gln Val Pro Asn Ser Thr Gly Pro Asp Asn Ala Thr Leu Gln Met
1          5          10          15

Leu Arg Asn Pro Ala Ile Ala Val Ala Leu Pro Val Val Tyr Ser Leu
20          25          30

Val Ala Ala Val Ser Ile Pro Gly Asn Leu Phe Ser Leu Trp Val Leu
35          40          45

Cys Arg Arg Met Gly Pro Arg Ser Pro Ser Val Ile Phe Met Ile Asn
50          55          60

Leu Ser Val Thr Asp Leu Met Leu Ala Ser Val Leu Pro Phe Gln Ile
65          70          75          80

```

06.10.04

XPs.ST25.txt

Tyr Tyr His Cys Asn Arg His His Trp Val Phe Gly Val Leu Leu Cys
85 90 95

Asn Val Val Thr Val Ala Phe Tyr Ala Asn Met Tyr Ser Ser Ile Leu
100 105 110

Thr Met Thr Cys Ile Ser Val Glu Arg Phe Leu Gly Val Leu Tyr Pro
115 120 125

Leu Ser Ser Lys Arg Trp Arg Arg Arg Arg Tyr Ala Val Ala Ala Cys
130 135 140

Ala Gly Thr Trp Leu Leu Leu Leu Thr Ala Leu Ser Pro Leu Ala Arg
145 150 155 160

Thr Asp Leu Thr Tyr Pro Val His Ala Leu Gly Ile Ile Thr Cys Phe
165 170 175

Asp Val Leu Lys Trp Thr Met Leu Pro Ser Val Ala Met Trp Ala Val
180 185 190

Phe Leu Phe Thr Ile Phe Ile Leu Leu Phe Leu Ile Pro Phe Val Ile
195 200 205

Thr Val Ala Cys Tyr Thr Ala Thr Ile Leu Lys Leu Leu Arg Thr Glu
210 215 220

Glu Ala His Gly Arg Glu Gln Arg Arg Arg Ala Val Gly Leu Ala Ala
225 230 235 240

Val Val Leu Leu Ala Phe Val Thr Cys Phe Ala Pro Asn Asn Phe Val
245 250 255

Leu Leu Ala His Ile Val Ser Arg Leu Phe Tyr Gly Lys Ser Tyr Tyr
260 265 270

His Val Tyr Lys Leu Thr Leu Cys Leu Ser Cys Leu Asn Asn Cys Leu
275 280 285

Asp Pro Phe Val Tyr Tyr Phe Ala Ser Arg Glu Phe Gln Leu Arg Leu
290 295 300

Arg Glu Tyr Leu Gly Cys Arg Arg Val Pro Arg Asp Thr Leu Asp Thr
305 310 315 320

Arg Arg Glu Ser Leu Phe Ser Ala Arg Thr Thr Ser Val Arg Ser Glu
325 330 335

Ala Gly Ala His Pro Glu Gly Met Glu Gly Ala Thr Arg Pro Gly Leu
340 345 350

08.10.04

XPs.ST25.txt

Gln Arg Gln Glu Ser Val Phe
355<210> 303
<211> 826
<212> DNA
<213> Homo sapiens<220>
<221> CDS
<222> (71)..(583)
<223>

```

<400> 303
gaagtggcag cctgtgagcg agtccagcag aaagctgcag tgaccctggc tcgtctcagc      60
cgagacccag atg tgg cac ggg agg ccg tgc ggc tca gct gca tgt ccc      109
              Met Trp His Gly Arg Pro Cys Gly Ser Ala Ala Cys Pro
              1              5              10

gtc tca tgc agc tct gca gat ccc cat cag aga gga aca gca gtg acg      157
17 Ser Ser Ser Ser Ala Asp Pro His Gln Arg Gly Thr Ala Val Thr
              15              20              25

ccg tgc ttg tgg cct gcc tgg ctg ctc tgc gta gat tgg ctg ggg tct      205
30 Cys Leu Trp Pro Ala Trp Leu Leu Cys Val Asp Trp Leu Gly Ser
              30              35              40              45

gcc ctg aag gcc tcc agg act ctg act ttc agc agt tgg tcc agc ctc      253
Ala Leu Lys Ala Ser Arg Thr Leu Thr Phe Ser Ser Trp Ser Ser Leu
              50              55              60

ggc tgg tgg act cct tct tac tct gca gca aca tgg agg aga gtt ttg      301
Gly Trp Trp Thr Pro Ser Tyr Ser Ala Ala Thr Trp Arg Arg Val Leu
              65              70              75

tgt agt gag tgt ggg cga aga aat aca ttt ggc tgt tct cac acc ccc      349
Cys Ser Glu Cys Gly Arg Arg Asn Thr Phe Gly Cys Ser His Thr Pro
              80              85              90

tct gac tat gca cca gtg aac aca tct gag tac ata cca gct ctc ctc      397
Ser Asp Tyr Ala Pro Val Asn Thr Ser Glu Tyr Ile Pro Ala Leu Leu
              95              100              105

tct ttc tta ttt ata ctt aac tta ttt ttg tgt gaa ata aat gga gga      445
110 Phe Leu Phe Ile Leu Asn Leu Phe Leu Cys Glu Ile Asn Gly Gly
              110              115              120              125

caa aat ctt aga gca aca tca tca aac agt ctt tgg tcc ttg aga atc      493
Gln Asn Leu Arg Ala Thr Ser Ser Asn Ser Leu Trp Ser Leu Arg Ile
              130              135              140

ttc ttt gtg ttt tat ttt ttg att tct gta gct ttt cag ttg cag atg      541
Phe Phe Val Phe Tyr Phe Leu Ile Ser Val Ala Phe Gln Leu Gln Met
              145              150              155

ttg aaa ttc gta atg aca aat atg aca aat tgt cat ggg tga      583
Leu Lys Phe Val Met Thr Asn Met Thr Asn Cys His Gly
              160              165              170

ttccacttca tcttattttt tctactctca ctatacaatc ttgcctcatt ttttaaaact      643
ttggaaccag aggattttcaa ctgcctagca agtttttttt ttaagttgga tttgctcttc      703
ccaaaaatct aaaatgaatt taataattgg gtagaatata ttggaaagaa gtttcttttt      763

```


05.10.04

XPs.ST25.txt

ctttaataaa tggaatcata taaaatgtat cccggatttt cttattaaat tgtatttttaa
act

823

826

<210> 304
<211> 170
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 304

Met Trp His Gly Arg Pro Cys Gly Ser Ala Ala Cys Pro Val Ser Ser
1 5 10 15

Ser Ser Ala Asp Pro His Gln Arg Gly Thr Ala Val Thr Pro Cys Leu
20 25 30

Trp Pro Ala Trp Leu Leu Cys Val Asp Trp Leu Gly Ser Ala Leu Lys
35 40 45

a Ser Arg Thr Leu Thr Phe Ser Ser Trp Ser Ser Leu Gly Trp Trp
50 55 60

Thr Pro Ser Tyr Ser Ala Ala Thr Trp Arg Arg Val Leu Cys Ser Glu
65 70 75 80

Cys Gly Arg Arg Asn Thr Phe Gly Cys Ser His Thr Pro Ser Asp Tyr
85 90 95

Ala Pro Val Asn Thr Ser Glu Tyr Ile Pro Ala Leu Leu Ile Phe Leu
100 105 110

Phe Ile Leu Asn Leu Phe Leu Cys Glu Ile Asn Gly Gly Gln Asn Leu
115 120 125

Arg Ala Thr Ser Ser Asn Ser Leu Trp Ser Leu Arg Ile Phe Phe Val
130 135 140

Phe Tyr Phe Leu Ile Ser Val Ala Phe Gln Leu Gln Met Leu Lys Phe
145 150 155 160

Val Met Thr Asn Met Thr Asn Cys His Gly
165 170

<210> 305
<211> 2265
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1060)..(1506)
<223>

<400> 305
cacggatgaa attcaagttt ctgctaaaaa tagaagtatc cttgagtcag gaagggaaca

60

09.10.04

XP5.ST25.txt

```

agtggaggaa gataagcatc ctgaaagaag gggagaatTT tgcatggcct ttatctggtt 120
ttgattagtG gcgaatgtac tagaagctgt gcctgcagtt tgtggtgaag gtgctggatg 180
tggacttggT ttgtgaggcc ctgcagggtg ccgtaacctt tggcctgggg cagctgcagg 240
agcgctgcgt ggctttcata gagggcccaca gccaggTact gctcccttca tactcctcac 300
cctacgcacc gcattctgct cctccctgac ccatttgccg gctcgcagga ggccctccgg 360
acccgaggct tcctggagct gtcggcgggc gcgctgctgc ccctgctccg cagcgacaag 420
ctctgcgtgg acgaggctga actggTccgc gcggcccgaa gctgggcgcg cgtgggcgcg 480
gcggtgctgg agcggccggT ggctgaggTg gcggccccgg tggTgaaaga gctgagacta 540
gccttgctgg ccccggcgga gctgagcgcc ctggaagagc agaaccggca ggaaccactc 600
atcccggtgg agcagattgt ggaggcgTgg aaatgccatg ccctgcggag aggggatgag 660
gcccggggcg ccccgTgtcg ccgccggaga ggcaccctgc cccgggagca tcaccgcttt 720
gggacctgt cttcaaatg atccaacgcc gggactcgca gggagccctc gaccgcacca 780
gtgagcctg ccccaaacta cagctcccgA agtgctcggc gttcggagcg ggcttccgtt 840
cccagcgtgc ccagtgagcc gggcgccgga agaaccgttg tctgccacgc gcagcccctt 900
gtgcgggatc aagcccgtgt gggcgaggTg gggTcggggc gggcagggct tgggctgggc 960
ctccctgagg gggTgaaact cgaaaacgag gatttccttc gttccacacc ctgactctac 1020
gccctgcccc tgggcattgt cgtctactag tctattctg atg act ccc aca tat 1074
                               Met Thr Pro Thr Tyr
                               1       5

cta tct gtt cag ctc agc tcc ctc ttt ctt ttc ttt ttc ttt ctc ttt 1122
Leu Ser Val Gln Leu Ser Ser Leu Phe Leu Phe Phe Phe Phe Leu Phe
                               10       15       20

ctt tct ttc ttt ctt tct ttc ttt ctt tct ttc ttt ctt tct ttc ttt 1170
Leu Ser Phe Phe Leu Ser Phe Phe Leu Ser Phe Phe Leu Ser Phe Phe
                               25       30       35

tt tct ttc ttt ttc ttt ctt tct ctt tcc ttc ctt cct tcc ttc ctt 1218
u Ser Phe Phe Phe Phe Leu Ser Leu Ser Phe Leu Pro Ser Phe Leu
                               40       45       50

cct tct ttc ttt ctc ttt ctc tat ctc ttt ctt tct ttc ttt ctt tct 1266
Pro Ser Phe Phe Leu Phe Leu Tyr Leu Phe Leu Ser Phe Phe Leu Ser
                               55       60       65

ctc ctc tct ctt ttt ttt gag acg gag tct cgc act ctc gcc cag gcc 1314
Leu Leu Ser Leu Phe Phe Glu Thr Glu Ser Arg Thr Leu Ala Gln Ala
70       75       80       85

gga ggg cag tgg tgc cat ctc ggc tca ctg caa gct ccg cct ccc ggg 1362
Gly Gly Gln Trp Cys His Leu Gly Ser Leu Gln Ala Pro Pro Pro Gly
                               90       95       100

ttc acg ccg ttc tcc tgc ctc agc ctc cgg agt agc tgg tac tac agg 1410
Phe Thr Pro Phe Ser Cys Leu Ser Leu Arg Ser Ser Trp Tyr Tyr Arg
                               105       110       115

cgc cca tca cca cgc ccg gct aat ttt ttt gaa ttt tta gta gag acg 1458
Arg Pro Ser Pro Arg Pro Ala Asn Phe Phe Glu Phe Leu Val Glu Thr
                               120       125       130

```

05.10.04

XPs.ST25.txt

gag ttt cac cgt att agc cag gat ggt ctc gat ctc ctg acc ttg tga 1506
Glu Phe His Arg Ile Ser Gln Asp Gly Leu Asp Leu Leu Thr Leu
135 140 145

tccgcccgcc tcggcctttt tttttttttt tttgagacag agtcttgctc tgtcgtcgag 1566
gctggagtggt agtgggtgcga tttcggctca cttcaaactc cgcctcccgg gttcaagcga 1626
ttctcgtgcc tcagcctcct gagtagctgg gattacagac atgcaccaca acgcccggct 1686
aattgttgta tttttagtag agacgggggt ttcaccatgt tggccagggtt ggtctcgaac 1746
tcctgacttc atgtgatccg ccagcctcgg cctcccaaag tgctgggatt acaggtgtgc 1806
gccaccatgc ccggcctcag ctcttctttt cattccagac ctgccccctt ggagatcgct 1866
ccctgaatgc ccctcagaca ccacaggctc ggcgagaaat tgatctcccc agcttttccc 1926
cagctctgcc cccatcgtgt ttctcatttc cgtggacacc cacgccagaa acctggatct 1986
catccttgcc ttatcgtctt tcacacctgc cttaggcttc tttttacctt gtaagagacc 2046
aaagagacc tttccagttg gttcagttct ctcagcccca ggttcaacct gtcctgtctg 2106
cacgtctca cagccttcct gccttcactc cagcgcccc tcaatccatt tcccacagtg 2166
cagccagacc tgtttttgat tgcagtcct atggggctta agtcctggaa catcccattg 2226
acctccagga caaaattcaa tctatttcac tttcagggc 2265

<210> 306
<211> 148
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 306

Met Thr Pro Thr Tyr Leu Ser Val Gln Leu Ser Ser Leu Phe Leu Phe
1 5 10 15

Phe Phe Phe Leu Phe Leu Ser Phe Phe Leu Ser Phe Phe Leu Ser Phe
20 25 30

Phe Leu Ser Phe Phe Leu Ser Phe Phe Phe Phe Leu Ser Leu Ser Phe
35 40 45

Leu Pro Ser Phe Leu Pro Ser Phe Phe Leu Phe Leu Tyr Leu Phe Leu
50 55 60

Ser Phe Phe Leu Ser Leu Leu Ser Leu Phe Phe Glu Thr Glu Ser Arg
65 70 75 80

Thr Leu Ala Gln Ala Gly Gly Gln Trp Cys His Leu Gly Ser Leu Gln
85 90 95

Ala Pro Pro Pro Gly Phe Thr Pro Phe Ser Cys Leu Ser Leu Arg Ser
100 105 110

Ser Trp Tyr Tyr Arg Arg Pro Ser Pro Arg Pro Ala Asn Phe Phe Glu
Seite 454

06.10.04

XPs.ST25.txt

115

120

125

Phe Leu Val Glu Thr Glu Phe His Arg Ile Ser Gln Asp Gly Leu Asp
130 135 140

Leu Leu Thr Leu
145